

(12)特許協力条約に基づいて公開された国際出願

(19) 世界知的所有権機関
国際事務局(43) 国際公開日
2004 年 11 月 18 日 (18.11.2004)

PCT

(10) 国際公開番号
WO 2004/099421 A1(51) 国際特許分類⁷: C12N 15/85, 15/53, 9/02, 5/06, C12Q
1/02, G01N 33/15, 33/48, 33/483, 33/50

(21) 国際出願番号: PCT/JP2004/006362

(22) 国際出願日: 2004 年 4 月 30 日 (30.04.2004)

(25) 国際出願の言語: 日本語

(26) 国際公開の言語: 日本語

(30) 優先権データ:
特願2003-127629 2003 年 5 月 6 日 (06.05.2003) JP
特願2003-407564 2003 年 12 月 5 日 (05.12.2003) JP(71) 出願人 (米国を除く全ての指定国について): 独立
行政法人産業技術総合研究所 (NATIONAL INSTI-
TUTE OF ADVANCED INDUSTRIAL SCIENCE ANDTECHNOLOGY) [JP/JP]; 〒1008921 東京都千代田区
霞が関一丁目 3 番 1 号 Tokyo (JP).

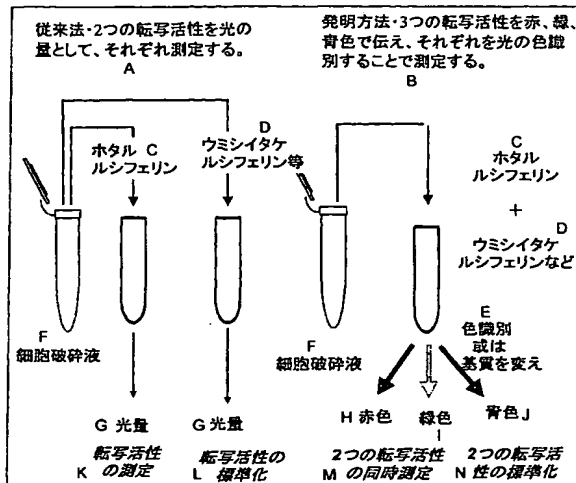
(72) 発明者; および

(75) 発明者/出願人 (米国についてのみ): 近江谷 克裕
(OHMIYA, Yoshihiro) [JP/JP]; 〒5638577 大阪府池田
市緑丘 1 丁目 8 番 3 1 号 独立行政法人産業技術
総合研究所関西センター内 Osaka (JP). 中島 芳浩
(NAKAJIMA, Yoshihiro) [JP/JP]; 〒5638577 大阪府池
田市緑丘 1 丁目 8 番 3 1 号 独立行政法人産業技術
総合研究所関西センター内 Osaka (JP).(74) 代理人: 三枝 英二, 外 (SAEGUSA, Elji et al.); 〒
5410045 大阪府大阪市中央区道修町 1-7-1 北
浜 T N K ビル Osaka (JP).

[続葉有]

(54) Title: MULTIPLE GENE TRANSCRIPTION ACTIVITY DETERMINING SYSEM

(54) 発明の名称: マルチ遺伝子転写活性測定システム



- A...CONVENTIONAL METHOD: INDIVIDUALLY DETERMINING TWO
TRANSCRIPTION ACTIVITIES AS LIGHT INTENSITY
- B...METHOD OF INVENTION: TRANSMITTING THREE
TRANSCRIPTION ACTIVITIES BY RED, GREEN AND BLUE COLORS
AND RESPECTIVELY DETERMINING THEM THROUGH LIGHT COLOR
IDENTIFICATION
- C...FIREFLY LUCIFERIN
- D...FOR EXAMPLE RENILLA LUCIFERIN
- E...COLOR IDENTIFICATION OR SUBSTRATE CHANGE
- F...CELL LYSATE
- G...LIGHT INTENSITY
- H...RED
- I...GREEN
- J...BLUE
- K...DETERMINATION OF TRANSCRIPTION ACTIVITY
- L...STANDARDIZATION OF TRANSCRIPTION ACTIVITY
- M...SIMULTANEOUS DETERMINATION OF TWO TRANSCRIPTION
ACTIVITIES
- N...STANDARDIZATION OF TWO TRANSCRIPTION ACTIVITIES

(57) Abstract: A gene structure comprising any of at least two photoprotein genes capable of emitting different colors with a single luminescent substrate, incorporated in mammiferous cells in a manner realizing stable expression; a system for multiply determining the transcription activity of each of promoters linked to each photoprotein by assessing the amount of photoprotein expressed with the use of mammiferous cells obtained by introducing the above gene structure; etc.

[続葉有]



(81) 指定国 (表示のない限り、全ての種類の国内保護が可能): AE, AG, AL, AM, AT, AU, AZ, BA, BB, BG, BR, BW, BY, BZ, CA, CH, CN, CO, CR, CU, CZ, DE, DK, DM, DZ, EC, EE, EG, ES, FI, GB, GD, GE, GH, GM, HR, HU, ID, IL, IN, IS, JP, KE, KG, KP, KR, KZ, LC, LK, LR, LS, LT, LU, LV, MA, MD, MG, MK, MN, MW, MX, MZ, NA, NI, NO, NZ, OM, PG, PH, PL, PT, RO, RU, SC, SD, SE, SG, SK, SL, SY, TJ, TM, TN, TR, TT, TZ, UA, UG, US, UZ, VC, VN, YU, ZA, ZM, ZW.

(84) 指定国 (表示のない限り、全ての種類の広域保護が可能): ARIPO (BW, GH, GM, KE, LS, MW, MZ, NA, SD, SL, SZ, TZ, UG, ZM, ZW), ユーラシア (AM, AZ, BY,

KG, KZ, MD, RU, TJ, TM), ヨーロッパ (AT, BE, BG, CH, CY, CZ, DE, DK, EE, ES, FI, FR, GB, GR, HU, IE, IT, LU, MC, NL, PL, PT, RO, SE, SI, SK, TR), OAPI (BF, BJ, CF, CG, CI, CM, GA, GN, GQ, GW, ML, MR, NE, SN, TD, TG).

添付公開書類:
— 国際調査報告書

2文字コード及び他の略語については、定期発行される各PCTガゼットの巻頭に掲載されている「コードと略語のガイダンスノート」を参照。

(57) 要約:

同一の発光基質で異なる色を発光する少なくとも2つの発光タンパク遺伝子のいずれかを哺乳類細胞で安定発現可能なように組み込んだる遺伝子構築物、及び当該遺伝子構築物を導入して得た哺乳類細胞を用い、発光タンパクの発現量を評価することにより、各発光タンパクに結合された各プロモータの転写活性をマルチに測定するシステム等に関する。

明細書

マルチ遺伝子転写活性測定システム

技術分野

本発明は、生体細胞内の遺伝子転写活性を、発光色の異なる発光タンパクを用
5 いてマルチに検出するための遺伝子構築物、該構築物を含む発現ベクター、該構築
物または発現ベクターを含む形質転換された哺乳類細胞、該哺乳類細胞を使用
する薬物のスクリーニング方法および各プロモータの転写活性をマルチに測定す
るシステムに関する。

また、本発明は、生体細胞内の遺伝子転写活性を、赤色、橙色、緑色または青
10 色発光タンパクを用いて検出するシステムで用いられる遺伝子およびポリペプチ
ドに関する。

背景技術

生命科学の分野では、細胞内で起きる遺伝子の転写活性を測定することが一般
的に行われ、該測定は、細胞に与える外来因子の影響の評価、細胞内情報伝達の
15 伝播、或いは個々のタンパク群の発現解析等に用いられている。これまで、遺伝
子転写活性の測定はウェスタンブロット法等で直接測定するか、或は発光タンパ
クをレポータ遺伝子として間接的に測定する方法があり、特にホタル発光タンパ
ク遺伝子を用いて発光量から転写活性を定量化することが一般化している。また、
蛍光蛋白質は細胞内で発現とほぼ同時期に、補因子を必要とせず、蛍光活性を持
20 つ。蛍光蛋白質は、細胞内で蛍光活性を指標として蛋白質の局在等に関するモニ
ター蛋白質として利用されているが、定量化は難しく遺伝子発現レポータ遺伝子
としては活用されにくい。

タンパクの遺伝子発現の定量的且つ時間的な動態変化解析を行うことが重要ではあ
るが、従来のレポータ技術では一つの遺伝子転写活性を解析することが中心である。し
25 かし、最近、ホタル発光タンパク遺伝子に A 転写活性領域を、同時にウミシイタケ発光タ
ンパク遺伝子に B 転写活性領域を挿入、細胞内に 2 つの遺伝子構築物を導入すること
で 2 つの転写活性を測定するシステム(デュアルアッセイシステム、Promega 社)が市販
されている。しかし、この方法は、別々の発光基質をそれぞれ加えることで、転写活性を
測定するシステムであり、同時に 2 つの活性が測定できず、また、測定できる転写活性は

2 つである。さらに、ホタルルシフェラーゼを使用しているため、pHにより波長が変化し、正確な測定が難しい。

細胞内では複数の情報が行き交っており、複数の転写活性を、定量的に測定する技術の構築が必須である。例えば、ヒト体内時計では、24時間のリズムを発信する Per 遺伝子は、Clock、BMAL 遺伝子産物によって制御される。そのため、体内時計を正確に評価するためには複数、少なくとも3種類の転写活性測定が必須である。これまで、個々の遺伝子転写活性の測定がホタル発光タンパクレポータ遺伝子で行われているが、一つの遺伝子転写動態しか観察しておらず、体内時計関連遺伝子発現の相互関係は不明なままである。

- 10 がん化は、がん遺伝子（オンコジーン）の活性化に伴って引き起こされる細胞の異常増殖、或いは腫瘍抑制遺伝子の不活性化に伴って起きる制御から開放された細胞の異常増殖によって進行する。そのため、がん化因子やがん化の細胞内情報伝達を評価するためには、がん遺伝子、腫瘍抑制遺伝子及び細胞分裂マーカー遺伝子の遺伝子転写活性を測定することが望ましい。しかしながら、従来法では
- 15 一つの遺伝子転写動態しか観察できず、3種類の遺伝子転写活性を評価できないため、がん化における3つの相互関係は十分に理解されていない。

- 遺伝子の転写は、遺伝子産物上流のプロモータ領域といわれる遺伝子配列上に存在する特定の配列に、遺伝子の発現を抑制、或いは促進しようとする物質が結合することによって引き起こされる。E-ボックスや cAMP 結合部位などが、その代表例である。遺伝子
- 20 転写活性は、プロモータ領域のある長さをレポータ遺伝子上流に挿入して測定する。さらに、そこで有効と考えられた特定配列を合成、レポータ遺伝子上流に挿入し、特定配列の効果を検証する。特定配列の転写制御効果を検証するには、同時にオリジナルのプロモータ領域の転写活性とその効果を標準化できる転写活性を併せて評価する必要がある。しかしながら、従来法では一つの遺伝子転写動態しか観察しておらず、転写活性制御
- 25 御特定配列を十分に評価できない。

発光タンパク類は細胞内の遺伝子転写活性を直接観察する手段として有効であり、遺伝子発現検出モニター蛋白質として利用されている。発光タンパクは多種多彩であるが、その多様性に着目した転写活性測定用レポータ遺伝子はない。発光色の異なる発光タンパク遺伝子をレポータ遺伝子として、異なる転写活性領域を哺乳類細胞に挿入すれば

複数の転写活性を測定できる。鉄道虫由来の赤色発光タンパクは最も発光波長が長く、ホタルやヒカリコメツキ由来発光タンパクに比べて識別が容易で、また、赤色であることから細胞透過性も高い。しかしながら、例えば鉄道虫由来の赤および緑発光タンパクの発現は現在成功しているのは大腸菌であり(US2002/0119542-A1)、ヒトを含む哺乳類細胞

5 でシステムとして成功した例はない。

また、鉄道虫発光タンパク遺伝子の構造を改変することで哺乳類細胞において発現させることが可能にした例もある(WO2003/016839)。

発光タンパクとして、イリオモテボタル由来の発光タンパク質も知られている。

- イリオモテボタル由来緑色発光タンパクの発現は現在成功しているのは大腸菌であり
- 10 (Ohmiya, Y., Sumiya, M. Viviani, VR. and Ohba N.; Comparative aspects of a luciferase molecule from the Japanese luminous beetle *Rhagophthalmus ohba*. *Sci.Rept. Yokosuka City Mus.* 47, 31-38, 2000)、この配列をもとにイリオモテボタル由来橙色発光タンパクが作られ、これも大腸菌での発現には成功した(Viviani, VR., Uchida, A., Suenaga, N., Ryufuku M. and Ohmiya Y.: Thr-226 is a key-residue for bioluminescence spectra
- 15 determination in beetle luciferases. *Biochem Biophys Res Commun* 280, 1286-1291, 2001)。さらに、発光タンパクとして渦鞭毛藻やウミシイタケ由来の青色発光タンパクも知られている。

本発明は、細胞内の複数の転写活性を、同時、或いは同時期に測定、定量化できるレポータ遺伝子の構築及び最適化、さらに本レポータ遺伝子群を用いたマルチ遺伝子転写活性測定システムを開発し、生命科学での細胞機能解析、更には病態の治療、検査

20 及び新薬開発に利用することを目的とする。

また、本発明は、哺乳類細胞・動物において鉄道虫赤色または緑色発光タンパク遺伝子をより安定に転写され、安定に翻訳される遺伝子構築体を作成することを目的とする。

さらに、本発明は、哺乳類細胞・動物においてイリオモテボタル橙色または緑色発光タンパク遺伝子をより安定に転写され、安定に翻訳される遺伝子構築体を作成することを

25 目的とする。

これにより、安定に哺乳類細胞・動物での遺伝子転写活性の変化を測定、可視化できる。

図面の簡単な説明

図1は、マルチ遺伝子転写活性の測定概略と従来法との違いを示す。

図2は、哺乳類細胞発現用ベクターの構造と Hela 細胞における発光活性を示す。

図3は、哺乳類培養細胞で生産された鉄道虫由来赤色、緑色発光タンパクの発光スペクトルを示す。

図4は、哺乳類培養細胞で生産された鉄道虫由来赤色、緑色発光タンパクの細胞内寿命を示す。

図5は、哺乳類細胞で生産された赤、緑色発光タンパクの同時発光スペクトルと色識別に用いたフィルターの特性(光の透過率)を示す。

10 図6は、赤、緑色発光タンパクの発光反応曲線と発光活性測定時間を示す。

図7は、赤、緑色発光タンパクの存在比と発光活性(図5のフィルターを用いた場合)を示す。

図8は、マルチ転写活性測定の実際・赤、緑色発光タンパクの光より同時に2つの転写活性を測定、青色発光タンパクの光によって標準遺伝子の転写活性を測定、2つの転写活性を標準化した結果を示す。

図9は、哺乳類細胞で生産された赤、緑、青色発光タンパクの同時発光スペクトルと色識別に用いたフィルターの特性(光の透過率)を示す。

図10は、赤、緑色発光タンパクの示す転写活性は連続的に2つの転写活性をモニターした結果を示す。

20 図11は、一次スクリーニングで多検体を網羅的に解析する例を示す。

図12は、二次スクリーニングで個別事象を評価する例を示す。

図13は、本発明の鉄道虫赤色発光タンパク遺伝子変異体(配列番号7)と鉄道虫野生型赤色発光タンパク遺伝子(配列番号3)との DNA 配列の相同性を示す。

図14は、最大発光波長 630nm の本発明の鉄道虫赤色発光タンパク遺伝子変異体(配列番号7)と最大発光波長 622nm の WO2003/016839(配列番号6)の鉄道虫赤色発光タンパク遺伝子変異体との DNA 配列の相同性を示す。

図15は、野生型、変異体鉄道虫赤色発光タンパクの発光活性の違いを示す。

図16は、哺乳類細胞(マウス由来 NIH3T3 細胞(太線))導入作成した、変異体(配列番号7)と昆虫カイコ細胞(細線)で作成した鉄道虫野生型(配列番号3)の発光スペクトルを示す。

図17は、イリオモテボタル緑色発光タンパク遺伝子の変異型(配列番号10)と野生型5 (配列番号8)との DNA 配列の相同性を示す。

図18は、イリオモテボタル緑色発光タンパク野生型、変異体及びイリオモテボタル橙色発光タンパク野生型、変異体の発光活性の違いを示す。

図19は、ホタルルシフェリン1つの基質で3つの遺伝子発現を検出する方法の概略を示す。本実施形態の方法は、3つの転写活性を赤、橙、緑色で伝え、それぞれを光の色10 識別することで測定する。

図20は、哺乳類細胞で発現したイリオモテボタル緑、橙、鉄道虫赤色発光タンパク混合物の発光スペクトルと設定された分割フィルターの透過曲線である。

図21は、2色発光タンパク((A)緑-赤、(B)緑-橙、(C)橙-赤色発光タンパクの組み合わせ)存在比と発光活性(図22に示したフィルターを用いた場合)を示す。

15 図22は、3色発光タンパク((A)赤色発光タンパクを1として緑-橙色発光タンパク、(B)橙色発光タンパクを1として緑-赤色発光タンパク、(C)緑色発光タンパクを1として橙-赤色発光タンパク)の存在比と発光活性(図20に示したフィルターを用いた場合)を示す。

発明の開示

20 本発明者は、上記課題を解決するため鋭意検討を重ねた結果、発光タンパクを基盤に、発光色の異なる(赤、緑、橙、青色など)或いは発光基質が多様であることに着目して、2つ以上、好ましくは3つ以上、さらに好ましくは4つ以上の発光タンパク(赤、橙、緑、青を含む)由来の光を分別して定量化できるレポータ遺伝子構築物を作成した。各発光タンパク由来の発光量は、各プロモータの転写活性、すなわち各プロモータが本来連結された遺伝子活性に対応するので、本25 発明により、2つ以上、好ましくは3つ以上さらに好ましくは4つ以上の遺伝子活性を、好ましくは同時、或いは同時期に測定することができる。また、発光波長が測定条件(pHなど)によって変化しないため、正確な測定が可能である。例えば、本発明の1つの好ましい実施形態では、鉄道虫由来赤、緑色発光タンパク、

イリオモテボタル由来緑、橙色などのレポータ遺伝子構築物を作成、また、ウミシイタケ、ウミボタル、発光性渦鞭毛藻、ヒカリコメツキ、エクオリン等の発光タンパクレポータ遺伝子を同時に用いることで、簡便且つ定量性良く、複数の遺伝子転写活性を測定するシステムを作成した。

- 5 さらに、本発明者は、a) 余分な転写因子が結合しないように、cDNA の配列を変えること、b) cDNA の配列を、昆虫のコドンユーセージ(コドンの使用頻度の偏り)を哺乳類用に変え、さらに c) 使用上、制限酵素部位が多いことで応用が限定されることからそのcDNA を変えることで、本来哺乳類細胞中でほとんど或いは全く発現しない発光タンパクにおいて、哺乳類細胞中での転写が容易に行えることを見出した。
- 10 本発明は、以下のポリペプチド、遺伝子、遺伝子構築物、哺乳類細胞、該哺乳類細胞を使用する薬物のスクリーニング方法および各プロモータの転写活性をマルチに測定するシステムを提供するものである。
1. 哺乳類細胞安定発現化された鉄道虫由来赤色及び緑色発光タンパク、並びにイリオモテボタル由来の緑色及び橙色発光タンパクからなる群から選ばれる少なくとも1種の
- 15 発光タンパクをコードする DNA であって、該DNAは、a) 哺乳類細胞の余分な転写因子の結合配列がなく、哺乳類用のコドンユーセージを有することを特徴とするDNA。
2. 哺乳類がヒトであり、配列番号7、10、11及び16からなる群から選ばれる少なくとも1種のヌクレオチド配列を有することを特徴とする項1に記載のDNA。
3. 鉄道虫またはイリオモテボタル由来発光タンパクをコードする DNA の哺乳類における発現を可能にする方法であって、
- 20 a) 余分な転写因子が結合しないように、cDNA の配列を変更する工程
- b) cDNA の配列において、昆虫のコドンユーセージを哺乳類用に変更する工程、さらに任意に
- c) 使用上、制限酵素部位が多いことで応用が限定されることからそのcDNA を変更する
- 25 工程
- を有することを特徴とする方法。
4. 発光タンパクのアミノ酸配列を変更しないことを特徴とする項3に記載の方法。
5. 最大発光波長が630nmである発光タンパクであって、以下のいずれかで表されるポリペプチド：

- (i) 配列番号4のアミノ酸配列を有するポリペプチド
 - (ii) 配列番号4の配列において、1または複数個のアミノ酸が置換、付加、欠失してなるポリペプチド
6. 哺乳類細胞で発現されてなる項5に記載のポリペプチド。
- 5 7. 最大発光波長が535～635nmであって、発光波長が測定条件に実質的に依存しない光を発光する1または2以上の発光タンパク遺伝子を哺乳類細胞で安定発現可能なように組み込んでなる遺伝子構築物。
8. 最大発光波長が535～635nmであって、発光波長が測定条件に実質的に依存しない光を発光する1または2以上の発光タンパク遺伝子とともに最大発光波長が460～5
- 10 20nmの1または2以上の発光タンパク遺伝子を組み込んでなる、3以上の発光タンパク遺伝子を哺乳類細胞で安定発現可能である項7に記載の遺伝子構築物。
9. 前記発光タンパク遺伝子が、哺乳類細胞で安定発現化された鉄道虫由来赤色、緑色発光タンパクおよびイリオモテボタル由来の緑色、橙色発光タンパクからなる群から選ばれる少なくとも1種の発光タンパクをコードする遺伝子である項7に記載の遺伝子構築
- 15 物。
10. 翻訳を効率化するエレメント及び／又はmRNAの安定化エレメントを含む項7に記載の遺伝子構築物。
11. 発光波長が測定条件に実質的に依存しない光を発光する1または2以上の発光タンパク遺伝子と、必要に応じて発光波長が測定条件に実質的に依存しない他の発光波
- 20 長の光を発光する発光タンパク遺伝子を各々別個のプロモータの制御下に組み込んでなり、2種以上の発光タンパクによる各発光を分別して測定可能である遺伝子構築物。
12. 項7～11のいずれかに記載の遺伝子構築物を含む発現ベクター。
13. 項7～11のいずれかに記載の遺伝子構築物または項8に記載の発現ベクターで形質転換された哺乳類細胞。
- 25 14. 発光波長が測定条件に実質的に依存しない相互に分別可能な光を発光する2以上の発光タンパク遺伝子を別個のプロモータの制御下に哺乳類細胞で安定発現可能なように組み込んだ哺乳類細胞。
15. 2以上の前記発光タンパクは、最大発光波長が535～635nmであって、1つの発光基質で発光可能である項13または14に記載の哺乳類細胞。

16. 鉄道虫由来赤色発光タンパク遺伝子を含み、さらに鉄道虫由来緑色発光タンパク遺伝子、イリオモテボタル由来の緑色発光タンパク遺伝子及び橙色発光タンパク遺伝子並びに青色発光タンパク遺伝子からなる群から選ばれる少なくとも2種を各々別個のプロモータの制御下に含む項15に記載の哺乳類細胞。
- 5 17. 発光波長が測定条件に実質的に依存しない相互に分別可能な光を発光する3以上の発光タンパク遺伝子を別個のプロモータの制御下に哺乳類細胞で安定発現可能なように組み込んでなる項14に記載の哺乳類細胞。
18. 別個のプロモータの制御下にある3以上の発光タンパク遺伝子を有し、第1の発光タンパク遺伝子が定常発現プロモータの制御下にあり、第2の発光タンパク遺伝子が毒性評価プロモータの制御下にあり、残りの1以上の発光タンパク遺伝子が評価対象のプロモータの制御下にある項14に記載の哺乳類細胞。
- 10 19. 別個のプロモータの制御下にある3以上の発光タンパク遺伝子を有し、第1の発光タンパク遺伝子が定常発現プロモータの制御下にあり、第2の発光タンパク遺伝子が偽プロモータの制御下にあり、残りの1以上の発光タンパク遺伝子が評価対象のプロモータ
- 15 の制御下にある項14に記載の哺乳類細胞。
20. 別個のプロモータの制御下にある4以上の発光タンパク遺伝子を有し、第1の発光タンパク遺伝子が定常発現プロモータの制御下にあり、第2の発光タンパク遺伝子が毒性評価プロモータの制御下にあり、第3の発光タンパク質が外的因子を受容するタンパクのプロモータであり、残りの1以上の発光タンパク遺伝子が評価対象のプロモータの制御
- 20 下にある項14に記載の哺乳類細胞。
21. 別個のプロモータの制御下にある4以上の発光タンパク遺伝子を有し、第1の発光タンパク遺伝子が定常発現プロモータの制御下にあり、第2の発光タンパク遺伝子が偽プロモータの制御下にあり、第3の発光タンパク質が外的因子を受容するタンパクのプロモータであり、残りの1以上の発光タンパク遺伝子が評価対象のプロモータの制御下にあ
- 25 る項14に記載の哺乳類細胞。
22. 別個のプロモータの制御下にある2個の前記発光タンパク遺伝子を有し、第1の発光タンパク遺伝子が定常発現プロモータの制御下にあり、第2の発光タンパク遺伝子が毒性評価プロモータの制御下にある項14に記載の哺乳類細胞。

23. 別個のプロモータの制御下にある2個の前記発光タンパク遺伝子を有し、第1の発光タンパク遺伝子が定常発現プロモータの制御下にあり、第2の発光タンパク遺伝子が偽プロモータの制御下にある項14に記載の哺乳類細胞。
24. 項18～21のいずれかに記載の哺乳類細胞の培養液中に薬物候補化合物を存在
5 させて該哺乳類細胞を培養する工程、該候補化合物の存在下及び非存在下で前記発光タンパク量を定量する工程、少なくとも1つの発光タンパクに連結された少なくとも1つの評価対象プロモータに対する該候補化合物の影響を評価する工程を包含する薬物のスクリーニング方法。
25. 項13～23のいずれかの哺乳類細胞の培養環境を変化させて、発光波長が測定
10 条件に依存しない相互に分別可能な光を発光する2以上の発光タンパクの発現量を評価することにより、培養環境変化の前後における各発光タンパクに結合された各プロモータの転写活性をマルチに測定するシステム。
26. 2以上の発光タンパクの発現量を同時に測定する項23に記載のシステム。
27. 3以上の発光タンパクの発現量を測定可能である項23に記載のシステム。

15

以下、本発明を詳細に説明する。

- 本発明の発光タンパクは、2つ以上の発光タンパク由来の発光量を測定し、それらの相対比率を算出することが重要であるので、2つ以上の発光タンパクについて発光波長が測定条件(例えばpH)に実質的に依存しない光を発光することが必要である。
- 20 本明細書において、「発光波長が測定条件に実質的に依存しない」とは、pH、温度、濃度などが変化しても、最大発光波長の変動が3nm以下、好ましくは2nm以下、さらに好ましくは1nm以下、特に好ましくは0.5nm以下である。最大発光波長の変化量がこの範囲内であれば、複数の発光タンパク質の発現量をフィルター等で分離して定量する場合、相互の発光タンパク質の比率がほとんど変化しないため好ましい。
- 25 本明細書において、「相互に分別可能な光を発光する2以上の発光タンパク」とは、例えばフィルター(カラーフィルター、バンドパスフィルターなど)を用いて相互の光の発光量の比率を測定可能であることを意味する。例えば、鉄道虫由来の赤色、緑色発光タンパク、イリオモテボタル由来の橙色、緑色発光タンパクなどは、フィルターを使用することにより、緑色同士を除き、相互の光の発光量の比率を測定可能である。相互の光の発光

量の比率を測定可能であるためには、フィルターの性能や各発光スペクトルのピーク形状にもよるが、最大発光波長が通常 20nm 以上、好ましくは 30nm 以上、より好ましくは 40nm 以上、特に好ましくは 50nm 以上離れているのが好ましい。

本発明で使用される好ましい発光タンパクは、鉄道虫由来の緑～赤(その変異体を含む、最大発光波長:535～635nm、例えば540～630nm)の発光タンパク、ヒカリコメツキムシのオレンジ～緑(その変異体を含む、最大発光波長:530～600nm)の発光タンパク、イリオモテボタルのオレンジ～緑(その変異体を含む、最大発光波長:550～590nm)の発光タンパクなどが挙げられる。例えば鉄道虫の場合、赤色最大発光波長 622nm と緑色最大発光波長 545nm の発光タンパクが知られているが(US2002/0119542-A1)、この2種以外にも540～635nmの間の光を発光する多数の発光タンパクが存在していることを本発明者は確認しており、これらの発光タンパクは、全て使用可能である。例えば、鉄道虫由来の最大発光波長 622nm(昆虫または大腸菌で発現)の赤色発光タンパクは、哺乳類細胞中で発現すると最大発光波長が630nm にシフトすることを本発明者は確認した。この最大発光波長630nm の鉄道虫由来の赤色発光タンパクは、本発明者により初めて発見された。

複数の発光タンパクを用いる場合、発光された各々の光をフィルター等を用いて分別して測定するためには、最大発光波長が 20nm 以上、好ましくは 30nm 以上、より好ましくは 40nm 以上、特に 50nm 以上離れているのが望ましい。この程度の最大発光波長の分離があれば、例えば各最大波長間のフィルターを使用し、フィルターの前後での各発光の透過率を測定して換算することで、各発光の発光量を同時に定量することができる。

例えば、図20の各発光タンパクの最大発光波長は、赤(630nm)、橙(580nm)、緑(550nm)であり、これらは十分に分けることができる。

特に、最大発光波長がある程度離れている複数の発光タンパクを有する鉄道虫、イリオモテボタルなどに由来する発光タンパクを使用する場合、1つの発光基質(例えば鉄道虫、イリオモテボタル、ヒカリコメツキムシ由来の発光タンパクではホタルルシフェリンを使用できる)を使用して、共発現させた複数の発光タンパクに由来する発光量の同時定量が可能であり、各プロモータの発現量の比を正確に測定することができる。また、発光波長が測定条件(例えばpH)に依存しない光を発光する発光タンパクとして、青色に発光するウミシイタケ・ルシフェラーゼ、渦鞭毛藻の各種ルシフェラーゼ(全配列或いはドメ

イン1, ドメイン2, ドメイン3などの発光ドメインを含む; 特開 2002-335961; Li L., Hong R., Hasting JW., Proc.Natl.Acad.Sci.USA (1997) 94, 8954)、ウミボタル・ルシフェラーゼをさらに組み合わせて使用することができる。鉄道虫、イリオモテボタル、ヒカリコメツキムシ由来の発光タンパクを使用すると、ホタルルシフェリンを使用できるので、バックグラウンドを
5 低くすることが可能である。また、渦鞭毛藻のルシフェラーゼとルシフェリンの組み合わせについても、バックグラウンドが低く好ましい。

本発明の好ましい実施形態の1つにおいて、鉄道虫、イリオモテボタルの発光タンパクを使うことで1種類のルシフェリンでも少なくとも3つのプロモータの発現量の定量が可能である(例えば鉄道虫の赤色発光タンパクと、イリオモテボタルの橙色及び緑色発光タン
10 パク)(VR. Viviani, A. Uchida, N. Suenaga, M. Ryufuku & Y. Ohmiya: Thr-226 is a key-residue for bioluminescence spectra determination in beetle luciferases (2001) *Biochem. Biophys. Res. Communi.* 280, 1286-1291)。また、青色ルシフェラーゼ(ウミシイタケ、渦鞭毛藻またはウミボタルの各ルシフェラーゼ)を合わせて4種以上は可能である。上手なフィルター設定により540-635nm(緑から赤色)、好ましく
15 は540-630nmの中で複数の発現解析は可能であり、さらに基質の違う青色の発光タンパクにより1種類を加えることができる。よって、発光タンパクの同時測定としては、同じルシフェリンで3つ以上、違うルシフェリンも用いて4つ以上の同時定量が可能である。

従来、哺乳類細胞で発現可能な発光タンパクとして、ウミシイタケ・ルシフェラーゼ、ホタルルシフェラーゼが知られていた。しかしながら、ホタルルシフェラーゼは細胞破碎液
20 のpHによって発光する光の色が緑～黄色に変化するため、2種以上の発光タンパクの発現量を比較する場合、正確性に欠ける欠点があった。ウミシイタケ・ルシフェラーゼに由来する青色の発光は、発光波長が測定条件に実質的に依存しない光を発光する点で望ましいが、ホタルルシフェラーゼと組み合わせた測定系では、ホタルルシフェリンを用いた定量とウミシイタケルシフェリンを用いた定量の両方を別個に実施する必要があるた
25 め、簡便性、正確性に欠ける欠点があった。

本発明者は、ウミシイタケ・ルシフェラーゼ、ホタルルシフェラーゼ以外の発光タンパクとして鉄道虫発光タンパクに着目してこれを哺乳類細胞で発現させることを試みたが、通常の発現系では、鉄道虫発光タンパクを哺乳類細胞で発現させることはできなかった。これが、現在まで、ウミシイタケ・ルシフェラーゼ、

ホタルルシフェラーゼ以外の発光タンパクが哺乳類細胞、特にヒト細胞で発現されてこなかった理由であると考えられる。

本発明者のこれまでの知見によると、本発明の好ましい1つの実施形態において、鉄道虫発光タンパク、イリオモテボタル発光タンパク、ヒカリコメツキ発光
5 タンパクを実用化する上で重要なのは、鉄道虫発光タンパク遺伝子、イリオモテボタル発光タンパク遺伝子、ヒカリコメツキ発光タンパク遺伝子が安定に転写されて、安定に翻訳されることである。本発明の実施例で行った手法では、転写されたmRNAを安定化して翻訳回数を増やせば実用化が可能となることを証明した。つまりこの場合、グロブリンイントロンを挿入することでmRNAの寿命を延ばし、
10 そして、コザック配列を挿入し翻訳回数を増やすことで、鉄道虫発光タンパク遺伝子の発現を哺乳類細胞で発現させることが初めて可能になった。

本発明の好ましい他の実施形態の更なる手法としては、例えばmRNAのコピー数を増やすことであるので、例えばcDNAの配列を、昆虫のコドンユースージ（コ
15 ドンの使用頻度の偏り）を哺乳類用に変えること、さらには、余分な転写因子が結合しないように、cDNAの配列を変えること、さらに使用上、制限酵素部位が多いことで応用が限定されることからそのcDNAを変えることが挙げられる。このような手法も、鉄道虫発光タンパク、イリオモテボタル発光タンパクの哺乳類細胞内での発現に有効であった。特にコドンユースージ（コドンの使用頻度の偏り）を哺乳類用に変えること、さらには、余分な転写因子が結合しないように、
20 cDNAの配列を変えることは有効である。

cDNAの配列の変更は、以下の点を1)～4)の順に考慮して行うことができる：

- 1) 発光タンパクのアミノ酸配列はできるだけ変更しないのがよい（好ましくは全く変更しない）；
- 25 2) 次に、余分な転写因子が結合しないように、cDNAの配列を変更する；
- 3) さらに、cDNAの配列において、昆虫のコドンユースージを哺乳類用に変更する；
- 4) 必要に応じてさらに、制限酵素部位をなくすようにcDNA配列を変更する。

上記は、鉄道虫由来の発光タンパク、イリオモテボタル発光タンパクの発現について記載したが、ヒカリコメツキムシなどの他の生物由来の発光タンパクについても同様に当てはまると考えられる。

本明細書において、「発光タンパク」は、ルシフェラーゼなど、ルシフェリン光化学反応を触媒する発光酵素群を包含し、発光タンパクにはエクオリンのようなものも含まれる。また、ルシフェリンの構造を変化させることにより発光作用を有するような、触媒作用（ルシフェリンを酸化して発光物質に変換する作用）の弱いタンパク質も、発光波長が測定条件（例えばpH）に実質的に依存しない限り本発明の発光タンパクに含まれ得る。

発光タンパクとしては、同一の発光基質で発光する2以上の発光タンパクの組み合わせが望ましい。測定条件により発光波長が実質的に変化せず、且つ、同一の発光基質で発光する好ましい発光タンパクとしては、鉄道虫由来の赤色発光タンパクおよび鉄道虫由来の緑色発光タンパク、或いは540～635nm程度、好ましくは540～630nm程度の範囲の発光波長を有する鉄道虫由来の他の発光タンパク、さらにはイリオモテボタル由来の緑色発光タンパクおよびイリオモテボタル由来の橙色発光タンパクが好ましく例示され、これ以外にも、ヒカリコメツキムシ由来の（530～600nm程度）発光タンパク、が例示される。特に、鉄道虫由来の赤色／緑色発光タンパク、イリオモテボタル由来の橙色／緑色発光タンパクは、発光タンパク量が同一であれば発光強度も同程度であるので、プロモータの転写活性をマルチに定量するのに好都合である。

本発明において、哺乳類としては、ヒト、ウシ、ウマ、ヒツジ、サル、ブタ、マウス、ラット、ハムスター、モルモット、ウサギ、イヌが挙げられ、好ましくはヒトである。

少なくとも2つの発光タンパク遺伝子は、同一の発光基質で異なる色を発光し、細胞内寿命が同程度であるのがよく、この点でも鉄道虫由来の赤色／緑色発光タンパク、イリオモテボタル由来の橙色／緑色発光タンパクは好ましく、特に鉄道虫由来の赤色発光タンパク、イリオモテボタル由来の橙色／緑色発光タンパクは好ましい。

さらに、本発明で使用する発光波長が測定条件（例えばpH）により変化しない少なくとも1つ、好ましくは少なくとも2つの発光タンパク及びこの標準化のための他の発光タンパクの各々異なる発光色は、フィルターで分離可能であることが、各発光色の簡単な装置での定量のために好ましい。例えば鉄道虫由来の赤色／緑色発光タンパクは図5に示されるように、フィルターを用いて容易に分離できるので好ましい。さらに、鉄道虫由来の赤

色／緑色発光タンパクとウミシイタケ由来或いは渦鞭毛藻由来発光タンパク(最大発光波長474～480nm)の組み合わせは、例えば図10に示されるように2つのフィルターを使用することにより容易に分離できるので特に好ましい。さらに、鉄道虫由来赤色、イリオモテボタル緑色／橙色発光タンパク遺伝子は、2つのフィルターを使用して相互に分離

5 することができる(図19)

上記のように鉄道虫由来の発光タンパクは、大腸菌では発現することが知られているが、哺乳類細胞、特にヒト細胞での発現系は知られていない。実際、ヒト細胞で鉄道虫由来の発光タンパク(赤、緑)の発現を試みると、図2および実施例1に示すように哺乳類細胞では代表的な発現プロモータであるSV40やCMVプロモータを単独に用いても発現を誘導することができない。また、イリオモテボタルの場合にも、公知の配列自体では発現レベルが低すぎて実用的ではないが、本発明の変異体は野生型のルシフェラーゼと比較して44倍(緑色)及び57倍(橙色)の発現レベルを有し、十分に実用性を有する。本発明の好ましい実施形態では、発光スペクトルの中からフィルター等を用いて、特定の色の発光タンパクの発現量を評価するため、野生型の発現量では十分に活用できない。

15 鉄道虫由来の発光タンパク(赤、緑)遺伝子配列は、US2002/0119542-A1に開示され、US2002/0119542-A1の赤色発光タンパク遺伝子(誤りを有する)を配列番号5に示す。鉄道虫由来の発光タンパクの正しい塩基配列を配列番号1(緑色発光タンパク遺伝子)と配列番号3(赤色発光タンパク遺伝子)に示し、正しいアミノ酸配列を配列番号2(緑色発光タンパク)および配列番号4(赤色発光タンパク)に示す。

20 本発明の発光タンパク遺伝子としては、野生型又は変異型発光タンパク遺伝子をそのまま使用することもでき、該発光タンパク遺伝子とストリンジェントな条件下にハイブリダイズし得るDNA、該発光タンパクの1又は複数のアミノ酸が置換、付加、欠失または挿入され、且つ発光タンパク活性を有するポリペプチドをコードするDNAを該発光タンパク遺伝子として使用することが可能である。

25 1つの好ましい実施形態において、本発明者は様々な発現系を検討することにより、発光タンパクの哺乳類細胞での安定発現のためには、翻訳を効率化するエレメント及び／又はmRNAの安定化エレメントを遺伝子構築物に導入することが重要であることを見出した。翻訳を効率化するエレメントとしては、kozak配列(Ko)などが例示され、mRNAの安定化エレメントとしては、 β -globin intron IIなどが例示される。発光タンパクを哺乳

乳類細胞中で安定に発現するためには、特に、(β -グロビンイントロン II) - (コザック配列) - (赤/緑色発光タンパク) の部分構造が好ましい。また、cDNA の配列を、昆虫のコドンユーセージ(コドンの使用頻度の偏り)を哺乳類用に変えること、さらには、余分な転写因子が結合しないように、cDNA の配列を変えることも発光タンパクの哺乳類細胞での

5 安定発現のために好ましいことを確認した。

一つの好ましい実施形態において、本発明の遺伝子構築物には発光タンパク遺伝子、該遺伝子の上流側にプロモータ、翻訳を効率化するエレメント及び/又は mRNA の安定化エレメントを含み、さらにエンハンサ、IRES、SV40pA、薬剤耐性遺伝子 (Neo^r など) を含み得る。

10 本発明の好ましい遺伝子構築物の例を以下に示す。

(1) (CMV エンハンサ) - (ニワトリ β アクチンプロモータ) - (β -グロビンイントロン II) - (コザック配列) - (赤、緑色発光タンパク) - (SV40 ポリ A 配列)

(2) (CMV エンハンサ) - (ニワトリ β アクチンプロモータ) - (β -グロビンイントロン II) - (コザック配列) - (赤、緑色発光タンパク) - (IRES) - (Neo 遺伝子) - (SV40 ポリ A 配列)

15 本発明の遺伝子構築物は、そのままで哺乳類細胞に導入してもよいが、ベクター(例えばプラスミドやウイルスベクターを含む)に組み込んで哺乳類細胞に導入するのが好ましい。遺伝子構築物に複数の発光タンパクを発現可能に組み込んだ場合には、1つの遺伝子構築物または発現ベクターを哺乳類細胞に導入すればよいが、1つの遺伝子構築物に1つの発光タンパクを組み込んだ場合には、複数の遺伝子構築物または発現ベクターを同時にまたは逐次的に哺乳類細胞に常法に従って導入すればよい。

本発明のシステムにより同時測定が望ましい遺伝子の組み合わせとしては、

・時計遺伝子 (Per 遺伝子、Clock 遺伝子、BMAL 遺伝子など)

・癌遺伝子 (がん遺伝子、腫瘍抑制遺伝子、細胞分裂マーカー遺伝子など)

・病気 (病態対応遺伝子、生死感受アポトーシス遺伝子、ホルモン遺伝子など)

25 ・定常発現遺伝子 (アクチン遺伝子、GAPDH(グリセルアルデヒドリン酸デヒドロゲナーゼ) 遺伝子、サル由来 SV40 ウイルス遺伝子など)

などが例示される。

本発明は、以下のような応用が可能である。

- (1)一次スクリーニング:多検体を網羅的に解析することを想定して、同時に3つ以上の情報を得ることは重要である。当然、複数の組み合わせが考えられる。創薬を考えた場合、その薬の効果はプラスの面を評価するだけでなく、マイナスの毒性も評価する必要がある。さらに、2つの遺伝子転写レベルの変化は細胞自体の状況を反映することから、細胞の
- 5 状況を現す一定発現プロモータをコントロールにするのが好ましい。よって、創薬スクリーニングでは、以下のような組み合わせが例示される。

なお、表1、表2において、赤色／青色／緑色発光タンパクは単なる例示であり、橙色発光タンパクを含めた他の発光タンパクあるいは組み合わせを使用できることは言うまでもない。特に、鉄道虫とイリオモテボタルの赤色／橙色／緑色発光タンパクの組み合わせは、ホタルルシフェリンで同時測定が可能であるので特に好ましい。

10

また、各色の発光タンパクを任意に選択することができる。

表1

創薬スクリーニング

対象プロモータ＋緑色発光タンパク	薬剤効果の評価
毒性評価プロモータ(アポトーシス関連等)＋青色発光タンパク	薬剤の安全性の評価
定常発現プロモータ＋赤色発光タンパク	細胞状態を評価
緑／赤:薬剤効果を標準化、青／赤:安全性を標準化	

- この場合、毒性評価と定常発現は薬剤評価対象プロモータのコントロールとなることから、一つのベクターで構築することも有用(必須ではない)であり、このベクターを入れた細胞自体がスクリーニング用の基本細胞となる。
- 15

表2

ターゲットプロモータ配列の探索

不特定プロモータ(プロモータライブラリー上の効果のわからない配列群)＋緑色発光タンパク	薬剤効果の評価
偽プロモータ配列(ランダムな配列または無意味な配列)＋青色発光タンパク	薬剤の安全性の評価
定常発現プロモータ＋赤色発光タンパク	細胞状態を評価
緑／赤:プロモータ効果を標準化、青／赤:偽情報の標準化	

- この場合、偽プロモータと定常発現プロモータはスクリーニング対象プロモータのコントロールとなることから、一つのベクターで構築することも有用(必須ではない)であり、このベクターを入れた細胞自体がスクリーニング用の基本細胞となる。
- 20

赤／橙／緑の組み合わせは表1、表2であらわされるスクリーニングを一つの基質を用いて達成することが可能である。つまり青色発光タンパクを橙色発光タンパクで代用するのである。この場合、一つの基質で測定が行うことが出来、より簡便な方法となる。また、青色発光タンパクを測定するためには細胞を破碎する必要があるが、ホタルルシフェリン

5 は濃度勾配的に生きた細胞中に浸透し発光するので、生きた細胞のまま3つの発光を測定することが出来る。よって、細胞を破碎することなくスクリーニングが出来る特徴がある。

一方、赤／橙／緑／青の組み合わせは、例えば環境ホルモンの評価など、外的な因子も同時に評価できるという利点があり、外的な因子の及ぼす細胞内の複数の遺伝子転写活性の変化を測定できる。例えば、外的な因子を直接捕捉する受容体の発現をモニターすることが挙げられる。

10

表3

不特定プロモータ(プロモータライブラリー上の効果のわからない配列群) + 緑色発光タンパク	外的因子の効果の評価
偽プロモータ配列(ランダムな配列または無意味な配列) + 青色発光タンパク	外的因子の安全性の評価
外的因子の受容タンパクのプロモータ配列+橙色発光タンパク	外的因子の受容過程の評価
定常発現プロモータ + 赤色発光タンパク	細胞状態を評価
緑／赤:プロモータ効果を標準化、青／赤:偽情報の標準化 橙／赤:外的因子受容の標準、緑／橙:受容と活性化の評価	

この場合、外的因子を受容するタンパク、それによって直接影響を受けるタンパク、さらには細胞自体の安全性を評価でき、これらを定常発現プロモータのタンパクのコントロールで標準化できることで、外的な因子が細胞に与える情報を正確に評価することができる

15 ことから一つのベクターで構築することも有用(必須ではない)であり、このベクターを入れた細胞自体がスクリーニング用の基本細胞となる。

一次スクリーニングの例を図11に示す。

(2)二次スクリーニング:絞られた薬剤効果、或いはプロモータ情報の評価を想定、3つ以上の情報を得ることは重要である。創薬などでは、薬剤の効果が複数想定される場合も多い、まずは細胞状態の変化を表す遺伝子、薬剤の一過的な影響(例えば毒性、ショック応答など)を知ること、そして、実際の効果を知ること重要である。例えば表3、表4に示されるような時計関連薬剤効果の評価システムを例示できる。

20

表3

時計関連薬剤効果の評価システム

薬剤感知プロモータ(例えば毒性、ショック応答など) + 緑色発光タンパク	薬剤の一過的な効果の評価
日周変動プロモータ(BMAL や Per 遺伝子の配列) + 青色発光タンパク	体内時計の評価
薬剤対応プロモータ + 赤色発光タンパク	薬剤の細胞内効果を評価
青/緑/赤/: 薬剤の時間軸評価	

表4

5 時計関連薬剤効果の評価システム

薬剤感知プロモータ(例えば毒性、ショック応答など) + 緑色発光タンパク	薬剤の一過的な効果の評価
日周変動プロモータ(BMAL や Per 遺伝子の配列) + 橙色発光タンパク	体内時計の評価
薬剤対応プロモータ + 赤色発光タンパク	薬剤の細胞内効果を評価
橙/緑/赤/: 薬剤の時間軸評価	

特に上記のように、一つの基質で生きた細胞のまま3つの発光を測定することが出来る。

よって、細胞を破碎することなく時計軸に従って薬剤の効果を評価出来る特徴がある。

また、同じ細胞に対して、一連の操作を行うことで、複数の操作の組み合わせ(履歴)に対する薬剤の効果を評価出来る。

10

二次スクリーニングの例を図12に示す。

上記のように、2種以上、特に3種以上、あるいは4種以上のプロモータの発現量を、好ましくは同時に評価することで、1つのプロモータに対する作用を評価する場合に、活性、毒性等の標準化、或いは偽情報の標準化を行うことができる。

15 さらに、哺乳類において複数の遺伝子の発現が複雑に関連した現象を解明する場合にも、本発明のシステムは極めて有用である。

本発明の特に好ましい実施形態では、鉄道虫由来の赤色、緑色発光タンパク遺伝子、イリオモテボタル由来の緑色、橙色発光タンパク遺伝子及び青色発光タンパク遺伝子を用いて3つまたは4つの遺伝子転写活性を同時定量化するための方法・システムを提供
20 する。本システムを使用することで、細胞内の複数の転写活性を同時に測定することができる。これらは病態の治療、検査及び新薬開発に利用が可能である。

この際、赤、緑、橙、青色に特化したフィルターを用いて、発光活性を測定することで、色識別が行われ、細胞内で行われる複数の転写を同時に測定でき、従来、1つの転写活性の変化情報では判断が容易でなかった細胞内の変化について、同時に多くの情報を引き出すことができ、各種病態の治療及び新薬開発への利用も可能となる。

- 5 本発明において、別個のプロモータの制御下にある2個の発光タンパク遺伝子を有し、
- i) 第1の発光タンパク遺伝子が定常発現プロモータの制御下にある、第2の発光タンパク遺伝子が毒性評価プロモータの制御下にある哺乳類細胞;あるいは、
- ii) 第1の発光タンパク遺伝子が定常発現プロモータの制御下にある、第2の発光タンパク遺伝子が偽プロモータの制御下にある請求項14に記載の哺乳類細胞
- 10 は、これら哺乳類細胞に、1以上の発光タンパク遺伝子を評価対象のプロモータの制御下に組み込んだ遺伝子構築物をさらに導入して、薬物スクリーニング用の哺乳類細胞を製造するための中間体細胞として有用である。

発明を実施するための最良の形態

- 15 以下、本発明を実施例に従いより詳細に説明するが、本発明が実施例に限定されないことは言うまでもない。

実施例1

- 鉄道虫由来緑、赤色発光タンパク遺伝子(配列番号1, 3)は大腸菌では発現するが、哺乳類細胞では代表的な発現プロモータであるSV40やCMVを単独に用いても発現を
- 20 誘導することができない。そこで遺伝子発現を安定化させるコザック(kozak)配列、 β -グロビンイントロン II(β -globin intron II)を挿入、さらにニワトリ β アクチンプロモータやCMVエンハンサの4つの因子を選択した構築物を赤、緑色発光タンパクに連結した遺伝子構造体を作成し、酵素活性を測定した(図2)。この際、SV40プロモータ、CMVプロモータ、およびCAGプロモータ下流に発光タンパク遺伝子を挿入したものを比較とした。そ
- 25 れぞれの遺伝子を培養繊維芽細胞 NIH3T3 細胞にリポフェクタミンを用いて導入、24時間後の細胞内の発光活性を測定した(図2)。発光活性の測定には基質として発光基質混合溶液(東洋ビーネット社製)を、発光測定装置はアトー(株)製 AB-2000 を用いた。サンプルは細胞抽出液 50 μ L にピッカジーン 50 μ L を加えた。その結果、(CMV エンハンサ) - (ニワトリ β アクチンプロモータ) - (β -グロビンイントロン II) - (コザック配列) -

(赤、緑色発光タンパク)－(SV40 ポリ A 配列)を挿入したもので、最も高い活性が、下流に(SV40 ポリ A 配列)の変わりに(IRES)－(Neo 遺伝子)－(SV40 ポリ A 配列)を挿入したもので次いで高い活性が得られた。しかしながら、SV40 プロモータ、CMV プロモータ単独では、ほとんど活性がなかった。但し(CMV エンハンサ)－(ニワトリ β アクチンプロモータ)－(β -グロビンイントロン II)－(コザック配列)－(赤、緑色発光タンパク)－(IRES)－(Neo 遺伝子)－(SV40 ポリ A 配列)の活性に対して、(CMV エンハンサ)－(ニワトリ β アクチンプロモータ)－(β -グロビンイントロン II)－(赤、緑色発光タンパク)－(IRES)－(Neo 遺伝子)－(SV40 ポリ A 配列)は約500分の1に、(CMV プロモータ)－(β -グロビンイントロン II)－(コザック配列)－(赤、緑色発光タンパク)－(SV40 ポリ A 配列)では約10分の1の活性となった。このことから、鉄道虫由来、緑色発光タンパク遺伝子を哺乳類細胞内で安定に発現、遺伝子転写活性を測定するためには、直接的に転写活性には影響を与えない領域である酵素遺伝子上流に(β -グロビンイントロン II)－(コザック配列)を挿入することが好ましいことが明らかとなった。これは kozak 配列による翻訳の高効率化及び β -globin intron II による mRNA の安定化が大きいと考えられ、発光タンパク遺伝子を含む転写産物の効率化・安定化が実用化の鍵であることが明らかとなった。

実施例2

哺乳類細胞内で発現した鉄道虫由来、緑色発光タンパク遺伝子の発光スペクトル解析を行った。最も高い活性を示した(CMV エンハンサ)－(ニワトリ β アクチンプロモータ)－(β -グロビンイントロン II)－(コザック配列)－(赤、緑色発光タンパク)－(SV40 ポリ A 配列)遺伝子を導入した細胞の抽出液15 μ L にピッカジーン15 μ L を加え、アトー(株)製微弱発光スペクトル測定装置を用いて発光スペクトルを測定した。図3は、それぞれを単独に発現させた場合の発光スペクトルであり、赤色発光タンパクでは最大発光波長630nm のスペクトルが、緑色では最大発光波長 550nm のスペクトルが各々得られた。本スペクトルはpH や周りの溶液の影響を受けず、常に同じスペクトルを示した。

実施例3

哺乳類細胞内で発現した鉄道虫由来赤色、緑色発光タンパク遺伝子の細胞内寿命を評価した。(CMV エンハンサ)－(ニワトリ β アクチンプロモータ)－(β -グロビンイントロン

- II) — (コザック配列) — (赤、緑色発光タンパク) — (IRES) — (Neo 遺伝子) — (SV40 ポリ A 配列) 遺伝子を導入した細胞を用いた。細胞内で発現した発光タンパクをリポフェクション法により培養繊維芽細胞 NIH3T3 に導入した細胞を用いた。遺伝子導入 48 時間後、100 μ M の蛋白質生合成阻害剤シクロヘキシミドを含む培養液に置換し、30 分間培養後、
- 5 経時的に細胞内の発光活性を測定した。発光活性の測定は実施例 1 と同様の方法で行った。その結果、赤色、緑色発光タンパク共に、同じような時間経過で活性減少が認められ、細胞内でのそれぞれの酵素の半減期は約 3.5 時間であった (図 4)。

実施例 4

- 10 鉄道虫由来赤色、緑色発光タンパク遺伝子 ((CMV エンハンサ) — (ニワトリ β アクチンプロモータ) — (β -グロビンイントロン II) — (コザック配列) — (赤、緑色発光タンパク) — (SV40 ポリ A 配列)) を培養繊維芽細胞 NIH3T3 で共発現させた。共発現細胞を破碎し細胞抽出物の鉄道虫由来赤色、緑色発光タンパクの発光スペクトルを実施例 2 と同様な手法で測定した。図 5 は共発現細胞の発光スペクトルである。赤色、緑色発光タンパクが発
- 15 光することで 2 つのピークが観察されるスペクトルとなった。これは 2 つの遺伝子転写活性を同時に測定した結果である。この発光活性を、フォトマルを用いたルミノメータで測定すれば、2 つの鉄道虫由来赤色、緑色発光タンパク遺伝子の発光活性の総計となる。そこで、緑色発光タンパクの発光活性だけを測定するため、赤色発光タンパクの光をカットすることにした。発光スペクトルから評価して、図 5 の点線で示す光波長カットフィルターを
- 20 選択した。このフィルターを用いると、緑色発光タンパク活性の 8%、赤発光タンパク活性の 76% が検出可能であり、換算することで赤色、緑色発光タンパクの発光量、存在量を評価することができる。

実施例 5

- 25 赤色、緑色発光タンパクを個々に含む細胞抽出液 50 μ L にピッカジーン 50 μ L 添加し、ATTO (株) 社製ディッシュ型ルミノメータ AB2500 を用いて 1 分間隔で発光活性を測定し、図 6 のような発光反応曲線を得た。反応開始後 5 分以内では活性は安定しないが、6 分後では両方共に安定な発光活性を示した。そこで、赤色、緑色発光タンパク遺伝子を共発現させた細胞の発光活性の測定を行う際、この発光反応の安定化した時間帯で測

定した。測定手順は、1) フィルター (Hoya 社製カラーフィルターR-54 型) なしで発光量を測定する(赤色、緑色発光タンパクの発光活性)。2) 実施例4で決定したフィルター (Hoya 社製カラーフィルターR-54 型) をルミノメータに挿入、発光量を測定、緑色発光タンパクの発光活性とする。3) フィルター (Hoya 社製カラーフィルターR-54 型) の透過率を換算することで赤色の発光活性を算出する。

実施例6

実施例5で決めた手順で存在比の異なる赤色、緑色発光タンパクを定量できるかをモデル実験で検証した。図7は赤色、緑色発光タンパクの存在比を変えたサンプルについて、1) 全発光量の測定、2) 緑色発光タンパクのみ測定、3) 赤色、緑色発光タンパク量の定量、を行った。その結果、それぞれの存在比に対して直線関係で変化することが明らかとなった。これは、細胞内で異なる発現量を示した赤色、緑色発光タンパク量を、カラーフィルター (Hoya 社製カラーフィルターR-54 型) を挿入したルミノメータで定量化できることを示している。

15

実施例7

本システムの有効性を検証するため、2つの時計遺伝子の遺伝子転写活性を測定、同時に3つ目の遺伝子転写活性として定常的な遺伝子転写活性を示すプロモータを用いて、2つの時計遺伝子の転写活性を標準化した。具体的には、マウス Per1 プロモータ内の E-box3, 4, 5 を連結したエレメント (E54) - (ニワトリ β アクチンプロモータ) - (β -グロビンイントロン II) - (コザック配列) - (赤色発光タンパク) - (SV40 ポリ A 配列) 遺伝子、およびマウス BMAL1 のプロモータ内の REV-ERV/ROR エレメント1, 2 (ROR) - (ニワトリ β アクチンプロモータ) - (β -グロビンイントロン II) - (コザック配列) - (緑色発光タンパク) - (SV40 ポリ A 配列) 遺伝子、および標準化用青色発光タンパクベクター (phRL-TK、Promega) を、ヒト BMAL1、ヒト CLOCK、マウス ROR \cdot 4 発現ベクターと共に NIH3T3 細胞にコトランスフェクションした。24時間後細胞を破碎し、スペクトロメータを用いて細胞内でのルシフェラーゼ発光波長の解析を行った。その結果、これら2種のルシフェラーゼに由来する発光波長の検出が認められ、またこれらは個々のルシフェラーゼを単独で発現させたものと同一の発光スペクトルを示した。そこで実施例6で決定した方法により赤およ

25

び緑色ルシフェラーゼの発光活性を測定した。更にこの活性値を青色発光タンパクの活性値で標準化した各々の転写活性を図8に示す。個別の実験において、BMAL1 及び CLOCK タンパクが細胞内に発現すると E-box3, 4, 5 を連結したエレメント (E54) プロモータは活性化、(ROR・) プロモータは不活性化されるのに対して、マウス ROR・4 が細胞内で

5 発現すると (ROR・) プロモータが大きく活性化することが知られている。本実験において同時に測定された赤、緑色発光タンパクの活性は (E54) プロモータ及び (ROR・) プロモータ活性は転写活性の違いを定量的に示している。

実施例8

10 鉄道虫由来赤色、緑色発光タンパク遺伝子 ((CMV エンハンサ) - (ニワトリ β アクチンプロモータ) - (β -グロビンイントロン II) - (コザック配列) - (赤、緑色発光タンパク) - (SV40 ポリ A 配列)) および青色発光タンパクベクター (phRL-TK、Promega) を培養繊維芽細胞 NIH3T3 で共発現させた。共発現細胞を破碎し細胞抽出物の鉄道虫由来赤色、緑色発光タンパクおよびウミシイタケ由来青色発光タンパクの発光スペクトルを実施例2と同

15 様な手法で測定した。図9は共発現細胞の発光スペクトルである。赤色、緑色、青色発光タンパクが発する3つのピークが観察され、スペクトル上のピークの高さはそれぞれのプロモータ活性の高さを反映している。発光色を識別可能なフィルターを持つ発光量計測定装置によって赤色、緑色、青色の発光量を換算することによって、3つの遺伝子転写活性を評価できる。

20

実施例9

鉄道虫由来赤色、緑色発光タンパク遺伝子 ((CMV エンハンサ) - (ニワトリ β アクチンプロモータ) - (β -グロビンイントロン II) - (コザック配列) - (赤、緑色発光タンパク) - (SV40 ポリ A 配列)) 遺伝子を培養繊維芽細胞 NIH3T3 にリポフェクションにより導入し、

25 6時間培養後、100nM のデキサメタゾンを含む培養液に置換し2時間培養した。その後、100 μ M のホタルルシフェリンを含む培養液に交換し、ATTO (株) 社製ディッシュ型ルミノメータ AB2500 で赤色、緑色発光タンパクの発光活性を連続的に測定した。図10は転写活性を連続的に測定した結果であり、発光する色を識別する連続発光量計測定装置を用いれば、2つの転写活性を連続的に測定することが可能である。

実施例10

哺乳類細胞内での発現を安定化させるために鉄道虫赤色発光タンパクの配列を下記の点に気をつけて設計した。1) 転写因子結合部位の34箇所(48個の DNA 配列)を変更(表4)、2) コドン使用頻度を哺乳類により近くするために279個の DNA 配列を変更(表5)、3) 一般的な制限酵素部位15箇所(45個の DNA 配列内4箇所は転写因子結合部位と同じ)を変更(表6)して配列番号7の配列を設計し、人工的に構築物(配列番号7)を作成した。本配列は天然型鉄道虫赤色発光タンパク遺伝子(配列番号3)との相同性は 77.5%、WO2003/016839 に記載の赤色発光タンパク変異体(配列番号6)との相同性は 82.8%である(図13, 図14)。

10

表 4

予想される転写因子	位置番号	変異配列(斜字は変異部分)
Octamer-binding factor 1	89 - 103	(A99T) cagcaggactacaattatatcaatcattat ataatattc_gta ta ttactgacggaataatcgatgccatacca
Pit1, GHF-1 pituitary specific pou domain transcription factor	91-101	(T96C) gcaggactacaattatatcaatcattatat aaata_gtc_gta t (A99G) attactgacggaataatcgatgccatac
Myf5 myogenic bHLH protein	164 - 178	(C168A) caatgaagtaatatcatatgctcaaatatt tgaaac_gag_tg (C171T) ccgct tggcagttagctagaaaaaatatggcttgg
E2F, involved in cell cycle regulation, interacts with Rb p107 protein	186 - 200	(A195G) aatatttgaaaccagctgccgcttggcagt tagtctaga_ga (T276C) aata tggcttggatcataacaatgttgggcaat
cellular and viral TATA box elements	268 - 284	(T277C) gaaaacaacatacacttttttggcccttta attgctgc_ccta (T277C) tacca aggaataccaatggcaacataaatgat
Ikaro3, potential regulator of lymphocyte differentiation	281 - 293	(A288G) Acttttttggccctttaattgctgctttat accaagg_gatac (A288G) c aatggcaacatacaaatgatgtacacaga
cellular and viral CCAAT box	332 - 342	(T336C) catcaaatgatattgtacacagaaaggaga tgat_gggccat (T336C) ttgaatatatcgaaacctgccttatgttt
Mammalian C-type LTR TATA box	424 - 440	(C426T) ttatttctgaaagtacaaaaacatctagat tt_gct_caaaaaa (T429C) gtcat agtcattgatagtagtacgatcaatgg
TCF/LEF-1, involved in the Wnt signal transduction pathway	484 - 500	(C489T) atgtacgatataatggcggttgatgcgta tttag_gttgttt (C489T) cagc ttatactgatcacgcctttgatccagtga
X-box-binding protein 1	491 - 505	(T501G) atatcaatggcggttgatgcgtatttagct ttgttcacg_gta (T501G) ta ctgatcacgcctttgatccagtgaattta
TCF/LEF-1, involved in the Wnt signal transduction pathway	511 - 527	(C516G) gtatttagctttgttcacgttatactgat cacgc_gtt_gatc (T519C) cagt gaaatttaacccaaagagttgatccctt
Hox-1.3, vertebrate homeobox protein	562 - 578	(A570G) ttaacccaaaagagttgatcccttgaa agaaccgc_gct (T571C) aattat gacatcatctggaacaactggattgcctaa
COMP1, cooperates with myogenic proteins in multicomponent complex	593 - 613	(A600C) gaaccgcattaattatgacatcatctgaa caactgg_cctg (T601C) cctaagggg tagtaataagccatagaagtataactataa
Prostate-specific homeodomain protein NKX3.1	626 - 638	(A630G) ctggattgcctaaagggttagtaataagcc atagg_gatata (A630G) ac tataagattcgctcatagcagtgatcccat
POU factor Brn-2 (N-Oct 3)	817 - 833	(A822C) aagaaatttgagggcgaattcttcttaaaa accat_gcaaaa (A822C) ttacaa aatcgcttctattgtatgttcctcctccaat
Pu.1 (Pu120) Ets-like transcription factor identified in lymphoid B-cells	844 - 860	(T828C) agggcgaattcttcttaaaaaccatacaaaa a_gtacaaaatc (T828C) gcttctattgtatgttcctcctccaatatg

Hox-1.3, vertebrate-homeobox protein	880 - 896	(A888T) (T889C)	gttcctcctccaattatggtatattggct aaaagtcctcta gtcga tgaatacaatttatcgagcttaacggaat
transcriptional repressor CDP	903 - 919	(T907C) (A909G)	tttggctaaaagtcattatgctgatgaata caatctgctgag c ttaacggaattgcttggagggtctcct
complex of Lmo2 bound to Tal-1, E2A proteins, and GATA-1, half-site 2	951 - 963	(T957C)	ggaaattgcttggagggtctccttagg aagagacatcg ca gataaagtagcaaaagagattgaaagtacat
TCF/LEF-1, involved in the Wnt signal transduction pathway	967 - 983	(A975C)	gggtctccttaggaagagatatcgagat aaagtagc gagatt gaaagtacatggaatcctacaaggatattgg
Prostate-specific homeodomain protein NKX3.1	1036 - 1048	(T1044G)	ggatatggattaaccgaaacctgcagcgct ctaatactgag cc ccaatgatcgagaacttaaaaaagggtgcaa
transcriptional repressor CDP	1049 - 1065	(T1053C) (C1057A)	cgaacacctgcagcgctctaatacttagcc ccaacgatag agaactt aaaaaagggtgcaattggaacgcctatgccca
Ribonucleoprotein associated zinc finger protein MOK-2 (human)	1066 - 1086	(A1071G)	ctaatacttagcccaatgatcgagaactt aaaaaagggtgc aattggaacg cctatgccatattgtcaagttaaagttata
Octamer-binding factor 1, POU-specific domain	1158 - 1170	(A1161G) (A1164T)	tgggaaggcgctaggaccaagagaaaaagg cgaatctgc ttc aaaagtcgaatgcttatgaaaggatcac
Ecotropic viral integration site 1 encoded factor	1182 - 1198	(A1191G) (A1194C)	aaaaggcgaatatgcttcaaaagtcaaat gcttatgaagg gctatc acaacaatccgcaagcaactcgtgatgctc
Nuclear factor Y (Y-box binding factor)	1236 - 1250	(T1242G)	tccgcaagcaactcgtgatgctcttgacaa agatgggtggc ttca tactggggatcttgatattacgacgaaga
Prostate-specific homeodomain protein NKX3.1	1309 - 1321	(A1314G)	gacagatttatctatgattgatcgattg aaagaacttatta aatataaaggatatcagggttgcgcctgctg
Special AT-rich sequence-binding protein 1, predominantly expressed in thymocytes, binds to matrix attachment regions (MARs)	1314 - 1330	(T1317C) (T1320C)	atttatctatgtagttgatcgattgaaaga actcatcaaatat aaag gatatacaggttgcgcctgctgaactggaaa
Octamer-binding factor 1	1373 - 1387	(T1377C)	cgctgctgaactggaaaatctgcttttac aacaaccaaat attt ctgatcggggtgtattggaattccggacg
POU factor Brn-2 (N-Oct 3)	1379 - 1395	(A1380T)	ctgaactggaaaatctgctttacaacatc ctaattttctg atgcg ggtgtattggaattccggacgaatttgc
Octamer-binding factor 1	1399 - 1413	(T1401C)	ttacaacatccaatatttctgatcggggt gtattggaatt ccg gacgaatttctggtcaattaccttccgcg
Binding site for a Pbx1/Meis1 heterodimer	1422 - 1438	(A1431G)	tgcgggtgtattggaattccggacgaatt tgcgtgtcagt acctt ccgctgtgtgtgttagacctggtgaaga
GATA-binding factor 2	1548 - 1560	(A1551C) (T1554C)	aactaaacatcttcgaggcggtgtcgtatt tatcagcagtat t ccaaaaggcccaacaggaaaaactcatgaga
Cart-1 (cartilage homeoprotein 1)	1624 - 1640	(T1636C)	gaactccgtgcaatatttgcggggaacag gcaaaatcaa aactata a

表 5

	Amino Acid	Codon	RED complete		RED-mutant	
			#	%	#	%
5	Met	ATG	14	100.0	14	100.0
	Trp	TGG	1	100.0	1	100.0
	Glu	GAA	26	83.9	3	9.7
		GAG	5	16.1	28	90.3
10	Phe	TTT	19	76.0	7	28.0
		TTC	6	24.0	18	72.0
	Asp	GAT	25	83.3	16	53.3
		GAC	5	16.7	14	46.7
	Cys	TGT	3	33.3	5	55.6
		TGC	6	66.7	4	44.4
15	His	CAT	12	80.0	0	0.0
		CAC	3	20.0	15	100.0
	Gln	CAA	12	80.0	0	0.0
		CAG	3	20.0	15	100.0
20	Asn	AAT	13	65.0	2	10.0
		AAC	7	35.0	18	90.0
	Tyr	TAT	17	70.8	9	37.5
		TAC	7	29.2	15	62.5
	Lys	AAA	32	82.1	6	15.4
		AAG	7	17.9	33	84.6
25	Ile	ATT	20	43.5	6	13.0
		ATC	8	17.4	40	87.0
		ATA	18	39.1	0	0.0
	***	TAA	1	100.0	1	100.0
		TAG	0	0.0	0	0.0
30		TGA	0	0.0	0	0.0
	Thr	ACT	11	37.9	0	0.0
		ACC	7	24.1	21	72.4
		ACA	9	31.0	8	27.6
		ACG	2	6.9	0	0.0
35	Pro	CCT	11	35.5	15	48.4
		CCC	3	9.7	4	12.9
		CCA	14	45.2	11	35.5
		CCG	3	9.7	1	3.2
40	Ala	GCT	13	37.1	3	8.6
		GCC	4	11.4	30	85.7
		GCA	14	40.0	0	0.0
		GCG	4	11.4	2	5.7
	Gly	GGT	7	17.5	0	0.0
		GGC	9	22.5	34	85.0
45		GGA	20	50.0	4	10.0
		GGG	4	10.0	2	5.0
	Val	GTT	14	36.8	0	0.0
		GTC	6	15.8	5	13.2
		GTA	13	34.2	0	0.0
50		GTG	5	13.2	33	86.8
	Arg	AGA	8	40.0	8	40.0
		AGG	1	5.0	4	20.0
		CGT	6	30.0	0	0.0
		CGC	1	5.0	4	20.0
55		CGA	3	15.0	0	0.0
		CGG	1	5.0	4	20.0
	Ser	AGT	8	25.0	2	6.3
		AGC	7	21.9	13	40.6
		TCT	4	12.5	4	12.5
60		TCC	1	3.1	13	40.6
		TCA	10	31.3	0	0.0
		TCG	2	6.3	0	0.0
	Leu	CTT	13	25.0	1	1.9
		CTC	3	5.8	2	3.8
65		CTA	9	17.3	1	1.9
		CTG	4	7.7	47	90.4
		TTA	15	28.8	0	0.0
		TTG	8	15.4	1	1.9

表 6

制限酵素部位	変更前の配列	変更後の配列
35 BssSI	Ctggtg	Ctcgga
92 SsPI	Aatatt	Aatact
118 ClaI	Atcgat	Atcgac
146 NdeI	Catatg	Cctatg
155 SsPI	Aatatt	Gatatt
189 XbaI	Tctaga	Cctgga
282 EcoT14I	Ccaagg	Ccaggg
417 XbaI	Tctaga	Cctgga
460 EcoRV	Gatatc	Gacatc
524 ApoI	Aaatatt	Aagtct
553 EcoT14I	Ccttgg	Ccctgg
570 PshBI	Attaat	Gctgat
769 AflIII	Cttaag	Ctgaag
790 ApoI	Aaatatt	Aagtct
802 ApoI, EcoRI	Gaatct	Gagtct
955 EcoRV	Gatatc	Gacatc
1030 Aor51HI	Agcgct	Agcgcc
1076 MunI	Caattg	Ccatcg
1094 NdeI	Catatg	Cctatg
1117 EcoRV	Gatatc	Gacatc
1193 EcoRV	Gatatc	Gctacc
1217 BssSI	Ctcgt	Ccagg
1301 ClaI	Atcgat	Atcggc
1331 EcoRV	Gatatc	Gctacc
1381 SspI	Aatatt	Aacatc
1406 EcoRI, ApoI	Gaatct	Gcatcc
1410 AccIII	Tccgga	Cccaga
1417 ApoI	Gaatatt	Gagtct
1605 SspI	Aatatt	Catctt
1613 SmaI	Cccggg	Cccgcg

実施例11

野生型と変異型の発光タンパク遺伝子を3種のプロモータ配列(CMV、SV40、CAG
5 {CAG; (CMV エンハンサ) - (ニワトリ β アクチンプロモータ) - (β -グロビンイントロン II)
- (コザック配列)}の下流に挿入したベクターを作成した(野生型; CMV-Red, CAG-Red、
変異型; CMV-REDm, CAG-REDm)。この際、ペルオキシゾーム移行配列として知られる

C末端の SKL 配列を削除したものも作成した(野生型;SV40-Red(-SKL)、変異型;SV40-REDm(-SKL), CAG-REDm(-SKL))。

- それぞれの遺伝子を培養繊維芽細胞 NIH3T3 細胞にリポフェクタミンを用いて導入、24時間後の細胞内の発光活性を測定した(図15)。発光活性の測定には基質として発光
- 5 基質混合溶液(東洋ビーネット社製)を、発光測定装置はアトー(株)製 AB-2000 を用いた。サンプルは細胞抽出液 50 μ L にピッカジーン 50 μ L を加えた。その結果、CMV-Red、SV40-Red(-SKL)では 1000RLU 前後であるが、CMV-REDm、SV40-REDm(-SKL)において $2 \times 10^7 - 4 \times 10^7$ RLU の値を示した。また、図15に示すように、CAG-Red でも高い活性は認められていたが、変異体を用いることで2倍程度の活性上昇が認められた。SKL
- 10 配列は活性上昇に有効な方法と考えられていたが、数%の活性上昇に留まった。これらの結果、CAG および REDm は哺乳類遺伝子発現解析用レポータ遺伝子として有用であることが明らかとなった。実施例10の手法で鉄道虫発光タンパクの哺乳類細胞での安定発現化が可能であることから、同様な手順で鉄道虫緑色発光タンパクの遺伝子配列を改変した(配列番号16)。改変配列は野生型に比べて 16 箇所の転写因子結合部位を
- 15 改変し、相同性が76%となっている。

実施例12

- 哺乳類細胞内で発現した鉄道虫由来、赤色発光タンパク遺伝子の発光スペクトル解析を行った。最も高い活性を示した CMV-REDm 遺伝子を導入した細胞(マウス由来 NIH3T3、ラット由来 Rat-1、ヒト由来 A543 細胞)の抽出液15 μ L にピッカジーン15 μ L を
- 20 加え、アトー(株)製微弱発光スペクトル測定装置を用いて発光スペクトルを測定した。また、参考のためカイコ昆虫細胞に配列番号3に記載の遺伝子を導入した細胞の抽出液の発光スペクトルを測定した。図16は、マウス由来 NIH3T3 細胞(太線)及びカイコ昆虫細胞(細線)において発現させた場合の発光スペクトルであり、マウス由来 NIH3T3 細胞では最大発光波長 630nm、カイコ細胞由来では最大発光波長 622nm 前後のスペクトル
- 25 が得られた。本スペクトルはpH や周りの溶液の影響を受けず、常に同じスペクトルを示した。また、ラット由来 Rat-1、ヒト由来 A543 細胞でも最大発光波長 630nm のスペクトルであった。

実施例13

哺乳類細胞内での発現を安定化させるために、野生型のイリオモテボタル緑色発光タンパク(遺伝子配列を配列番号8に、アミノ酸配列を配列番号12に各々示す)および野生型のイリオモテボタル橙色発光タンパク(遺伝子配列を配列番号9に、アミノ酸配列を配列番号13に各々示す)の配列を下記の点に気をつけて設計し、人工的に構築物を作

5 成した。

- 1) 転写因子結合部位の15箇所(20個の DNA 配列)を変更(表7)、
- 2) コドン使用頻度を哺乳類により近くするために322個の DNA 配列を変更(表8)、
- 3) 一般的な制限酵素部位30箇所(49個の DNA 配列内2箇所は転写因子結合部位と同じ)を変更(表9)。

10 表8, 9中、RoLWT は野生型イリオモテボタル発光タンパクを示し、RoLm は変異型イリオモテボタル発光タンパクを示す。

得られた変異型のイリオモテボタル緑色発光タンパクの遺伝子配列を配列番号10に、アミノ酸配列を配列番号14に各々示す。また、変異型のイリオモテボタル橙色発光タンパクの遺伝子配列を配列番号11に、アミノ酸配列を配列番号15に各々示す。

15 変異型のイリオモテボタル緑色発光タンパクの遺伝子配列(配列番号10)と天然型のイリオモテボタル緑色発光タンパクの遺伝子配列(配列番号8)との相同性は 76.0%である(図17)

表7

予想される転写因子	変異番号	変異配列 (斜字は変異部分)
Activator protein 4	64 - 80	(C69T) (G75C) cccaggagacccctggacctgggacccgc ggcattagct ctacag agccctgaccaactctccttctgagggga
RAR-related orphan receptor alpha2	81 - 97	(A81G) cctgggacccgcccgcacatccagctgtacag ggcctgacca acttct ccttctgagggaggccctgatcgacgccc
Nuclear factor 1	169 - 187	(C183T) gtggtgtcttacgcccacatcctggagaac agctgtagactg gcfaagt gctacgagaactacggcctgcgcagaaca
Progesterone receptor binding site	237 - 255	(C243T) ggcgcagaacagcgtgatctccgtgtgcag cgagaaagcac catcttc ttctaccccgatgcgcgcctgtacatg
Tumor suppressor p53 (5' half site)	458 - 478	(C462T) tcaagaaggtgtgtgctgtggacagcaagg aggaatgggcg aggcccagt gcctgagcaacttcattgcccgtactccg
Tumor suppressor p53 (5' half site)	563 - 583	(G573T) (C576T) tcaagccaaggagcttcgacgccaaggagc aggtggccctta tatgtcct cctctggcaccaccggcctgccaaggggcg
Zinc finger transcription factor ZBP-89	850 - 864	(C858T) (C861T) atcgagaagtacagaatccaacaatcgtg ctggccccctc gtg atggtgttctgccaagagccccctggtg
Nuclear factor 1	865 - 883	(C879T) atcccaacaatcgtgctggcccccccggtg atggtgttctg gcfaaga gccccctggtggaccagtagacctgtcca
Member of b-zip family, induced by ER damage/stress, binds to the ERSE in association with NF-Y	950 - 964	(G960T) gagaggtggccaccggcgcccgccctgtgg gcaccgaggt gccg tggccgtggccaagcggctgaagatcggcg
X-box-binding protein 1	1252 - 1266	(C1263A) gccatcgacaaggagggtgtgctgactcc ggcgacgtggg atac tacgacgacgatggccacttctctgtgtg
H6 homeodomain HMX3/Nkx5.1 transcription factor	1278 - 1290	(C1281A) (C1284T) ctccggcgacgtgggctactacgacgacga tggacaattctt c gtggtggaccggctgaaggagctgatcaag
Ribonucleoprotein associated zinc finger protein MOK-2 (mouse)	1302 - 1322	(G1308A) cgacgatggccacttctctgtgtggaccg gctgaaagagct gatcaagta caagggtaccaggtggcccccgccgagct
Winged helix protein, involved in hair keratinization and thymus epithelium differentiation	1385 - 1395	(C1389T) Agtggctgctgctccagcaccatccatca aggaagccggc gtgaccggcgtgcccgcgagggccgcccgc
NF-kappaB (p50)	(1502-1516)	(G1506A) (C1512T) ccgagcaggagatcatcgactacatgccg agcgagtgctc cca ccaagcgcatccggggcggtcgtcttcg
Winged helix protein, involved in hair keratinization and thymus epithelium differentiation	1531 - 1541	(C1536A) gagcgggtgtccccaccaagcgatccgg ggcggagtcgt cttcgtggacgacatcccaaggcgccac

表 8

5	Amino Acid Codon		RoL WT		RoLm	
			#	%	#	%
10	Met	ATG	10	1.84	10	1.84
	Trp	TGG	2	0.37	2	0.37
	Glu	GAA	31	5.7	1	0.18
		GAG	5	0.92	35	6.43
15	Phe	TTT	11	2.02	0	0
		TTC	13	2.39	24	4.41
	Asp	GAT	15	2.76	3	0.55
		GAC	12	2.21	24	4.41
20	Cys	TGT	5	0.92	1	0.18
		TGC	5	0.92	9	1.65
25	His	CAT	8	1.47	1	0.18
		CAC	2	0.37	9	1.65
	Gln	CAA	9	1.65	0	0
		CAG	4	0.74	13	2.39
30	Asn	AAT	11	2.02	1	0.18
		AAC	7	1.29	17	3.12
	Tyr	TAT	11	2.02	0	0
		TAC	8	1.47	19	3.49
35	Lys	AAA	28	5.15	1	0.18
		AAG	12	2.21	39	7.17
40	Ile	ATT	19	3.49	2	0.37
		ATC	10	1.84	34	6.25
		ATA	7	1.29	0	0
45	***	TAA	1	0.18	1	0.18
		TAG	0	0	0	0
		TGA	0	0	0	0
	Thr	ACT	9	1.65	0	0
		ACC	13	2.39	30	5.51
50		ACA	5	0.92	2	0.37
		ACG	5	0.92	0	0
	Pro	CCT	6	1.1	4	0.74
		CCC	8	1.47	16	2.94
55		CCA	7	1.29	4	0.74
		CCG	4	0.74	0	0
	Ala	GCT	14	2.57	4	0.74
		GCC	10	1.84	35	6.43
60		GCA	8	1.47	0	0
		GCG	6	1.1	0	0
	Gly	GGT	6	1.1	0	0
		GGC	7	1.29	34	6.25
65		GGA	18	3.31	5	0.92
		GGG	8	1.47	0	0
	Val	GTT	14	2.57	1	0.18
		GTC	10	1.84	3	0.55
70		GTA	17	3.12	1	0.18
		GTG	6	1.1	42	7.72
	Arg	AGA	8	1.47	9	1.65
		AGG	4	0.74	7	1.29
75		CGT	3	0.55	0	0
		CGC	4	0.74	3	0.55
		CGA	5	0.92	1	0.18
		CGG	2	0.37	6	1.1
80	Ser	AGT	6	1.1	0	0
		AGC	8	1.47	14	2.57
		TCT	7	1.29	3	0.55
		TCC	3	0.55	17	3.12
		TCA	3	0.55	0	0
85		TCG	7	1.29	0	0
	Leu	TTA	19	3.49	0	0
		TTG	16	2.94	0	0
		CTT	12	2.21	1	0.18
90		CTC	1	0.18	4	0.74
		CTA	3	0.55	0	0
		CTG	6	1.1	52	9.56

表 9

	制限酵素部位		RoLWT	ROLm
5	35	AvaI	CTCGAG	CCAGGG
	35	XhoI	CTCGAG	CCAGGG
	59	PstI	CTGCAG	CCGCCG
	65	ApoI	GAATTC	GCATTC
	65	EcoRI	GAATTC	GCATTC
10	70	MunI	CAATTG	CAGCTC
	90	ApoI	GAATTT	CAACTT
	438	ScaI	AGTACT	GGTGCT
	528	ApoI	AAATTT	AAACTT
	532	DraI	TTTAAA	TTCAAG
15	618	HincII	GTTAAC	GCTGAC
	618	HpaI	GTTAAC	GCTGAC
	630	ApoI	AAATTT	GAACCT
	660	BamHI	GGATCC	GGACCC
	744	PspI406I	AACGTT	AACCCT
20	793	BspT104I	TTCGAA	TTCGAG
	810	AflII	CTTAAG	CCTGAG
	833	ApoI	GAATTC	GAATCC
	833	EcoRI	GAATTC	GAATCC
	931	AgeI	ACCGGT	ACCGGC
25	1038	PshBI	ATTAAT	GCTGAT
	1050	BspHI	TCATGA	CCACGA
	1113	BglII	AGATCT	GGACCT
	1165	DraI	TTTAAA	TTCAAG
	1225	ClaI	ATCGAT	ATCGAC
30	1273	PshAI	GACGATGGTC	GACGATGGAC
	1296	PvuI	CGATCG	GGACCG
	1302	DraI	TTTAAA	GCTGAA
	1328	EcoRV	GATATC	GCTACC
	1523	BstI107I	GTATAC	GCATCC

35 実施例14

野生型と変異型の発光タンパク遺伝子(イリオモテボタル由来の橙色および緑色)を3種のプロモータ配列 SV40 の下流に挿入したベクターを作成した(野生型;SV40-RoL(Green), SV40-RoL(Orange)、変異型;SV40-RoL(Green)m, SV40-RoL(Orange)m)。それぞれの遺伝子を培養繊維芽細胞 NIH3T3 細胞にリポフェクタミンプラスを用いて導入、

24時間後の細胞内の発光活性を測定した。発光活性の測定には基質として発光基質混合溶液(東洋ビーネット社製)を、発光測定装置はベルトールド製 LB9506 を用いた。サンプルは細胞抽出液 50 μ L にピッカジーン 50 μ L を加えた。その結果、野生型 SV40-RoL(Green), SV40-RoL(Orange)ではそれぞれ 1×10^6 、 4×10^5 RLU 前後であるが、SV40-RoL(Green)m、SV40-RoL(Orange)m において 5×10^8 、 8×10^7 RLU の値を示した。図18において野生型と変異型を比較すると、野生型を1として場合と、緑色発光タンパクではおよそ活性値として約44倍、橙色では約57倍に増加した。これらの結果、変異体は哺乳類遺伝子発現解析用レポータ遺伝子として有用であることが明らかとなった。

10 実施例15

哺乳類内の3つの遺伝子転写活性を同時に、且つ一つの発光基質で測定する方法の概略を図19に示す。鉄道虫由来赤色、イリオモテボタル緑、橙色発光タンパク遺伝子上流にプロモータ配列を挿入した3つの遺伝子ベクターを培養細胞等に共発現させる。細胞処理後、一定時間経過した共発現細胞を破碎し細胞抽出物の鉄道虫由来赤色、イリオモテボタル緑、橙色発光タンパクの発光活性をカラーフィルターで分離することで3つの転写活性を測定する。そこで、哺乳類細胞内で個々に発現した鉄道虫由来赤色、イリオモテボタル緑色、橙色発光タンパクについて遺伝子を導入した細胞の抽出液15 μ L にピッカジーン15 μ L を加え、アトー(株)製微弱発光スペクトル測定装置を用いて発光スペクトルを測定した(図20)。発光スペクトルを検討した結果、緑色と橙色発光を分割するために Hoya 社製カラーフィルター0-54 型を選択、また橙色と赤色発光を分割するために Hoya 社製カラーフィルターR-60 型を選択することで色分割が可能であることを確認した。測定手順は、1)フィルターなしで発光量を測定する(赤色、橙、緑色発光タンパクの発光活性)。2)カラーフィルター0-54 型で決定したフィルターをルミノメータに挿入、発光量を測定、緑色発光タンパクの発光活性とする。3)カラーフィルターR-60 型で決定したフィルターをルミノメータに挿入、発光量を測定、緑及び橙色発光タンパクの発光活性とする。4)フィルターの透過率を換算することで赤色の発光活性を算出、さらに3色の発光タンパクの活性を補正する。このように、赤色、緑、橙色発光タンパクの発光量、存在量を評価することができる。

実施例16

- 実施例15で決めた手順で存在比の異なる赤色、橙、緑色発光タンパクのうち2つの異なる組成の酵素を定量できるかをモデル実験で検証した。図21(A)は赤色、緑色発光タンパクについて、(B)は緑色、橙色発光タンパクについて、そして(C)は橙色、赤色発光タンパクについて、それぞれ存在比を変えたサンプルについて1)全発光量の測定、2)設定したフィルターを用いて測定、換算し、発光活性を求めた。その結果、それぞれの存在比に対して直線関係で変化することが明らかとなった。これは、細胞内で異なる発現量を示した赤色、橙色及び緑色発光タンパク量を、カラーフィルターを挿入したルミノメータで定量化できることを示唆している。

実施例17

- 10 実施例15で決めた手順で存在比の異なる赤色、橙、緑色発光タンパクのうち1つの発光色酵素量を一定として、2つの異なる組成の酵素を定量できるかをモデル実験で検証した。図22(A)は赤色発光タンパクを一定として、橙色、緑色発光タンパクについて、(B)は橙色発光タンパクを一定として、緑色、赤色発光タンパクについて、そして(C)は緑色発光タンパクを一定として、橙色、赤色発光タンパクについて、それぞれ存在比を変えたサンプルについて1)全発光量の測定、2) 15 設定したフィルターを用いて測定、換算し、発光活性を求めた。その結果、それぞれの存在比に対して直線関係で変化することが明らかとなった。これは、細胞内で異なる発現量を示した赤色、橙色及び緑色発光タンパク量を、カラーフィルターを挿入したルミノメータで定量化できることを示唆している。よって、一つの基質であっても、3つの発光色をもつ発光タンパクの定量は可能であり、3つの遺伝子の転写活性量が測定できることが明らかとなった。
- 20 なお、図11中の[A]、[B]、図12中の[C]は、以下のことを示す。

[A]:例えば、この一次スクリーニングでは赤色発光タンパクがコントロールとなり、青色は毒性を感知、緑色は薬剤の効果を感知する。よって、A1カラムの薬剤は疾患に効果があるが、致死的に働く、A2カラムの薬剤はA1に比べてほぼ同様な効果があり、且つA1に比べて安全であると評価できる。

[B]:例えば、この一次スクリーニングでは赤色発光タンパクがコントロールとなり、緑色発光タンパク

- 25 には、プロモーター配列ライブラリーから得られた未知機能のプロモーターの活性をレポートする、偽プロモーター配列を青色発光タンパクに挿入、非特異的な効果を評価する。プロモーターターゲットが定まらない薬剤のターゲット部位をスクリーニングする。よって、ある薬剤に対してA1カラムの選択プロモーターでは一見効果があるが、青色で判断すると非特異的な可能性がある、A2カラムではA1と同様な効果があり、且つ青色で判断する限り非特異的ではない。

- 30 [C]:例えば、二次スクリーニングでは対象疾患に対して効果のある薬剤が、患者に対して有効に働くか、或いは何時投与することが重要であるかを評価できる。青色発光タンパクは人の体内時計の日周を現すプロモーターで最大値は昼間12時に対応、緑色発光タンパクは薬剤の一過的な影響を、赤色発光タンパクは薬剤が最終的に働くプロモーター領域を想定する。青色の朝6時に薬剤を投与すると、そのショックで1時間後に薬剤に対する影響を示す緑色が一過的に立ち上がる 35 が、その影響は数時間で消え、お昼ぐらいから薬剤の効果が緩やかに立ち上がることがわかる。この結果から、投与時間の設計、薬剤の影響と効果を適切なものにする創薬が可能となる。

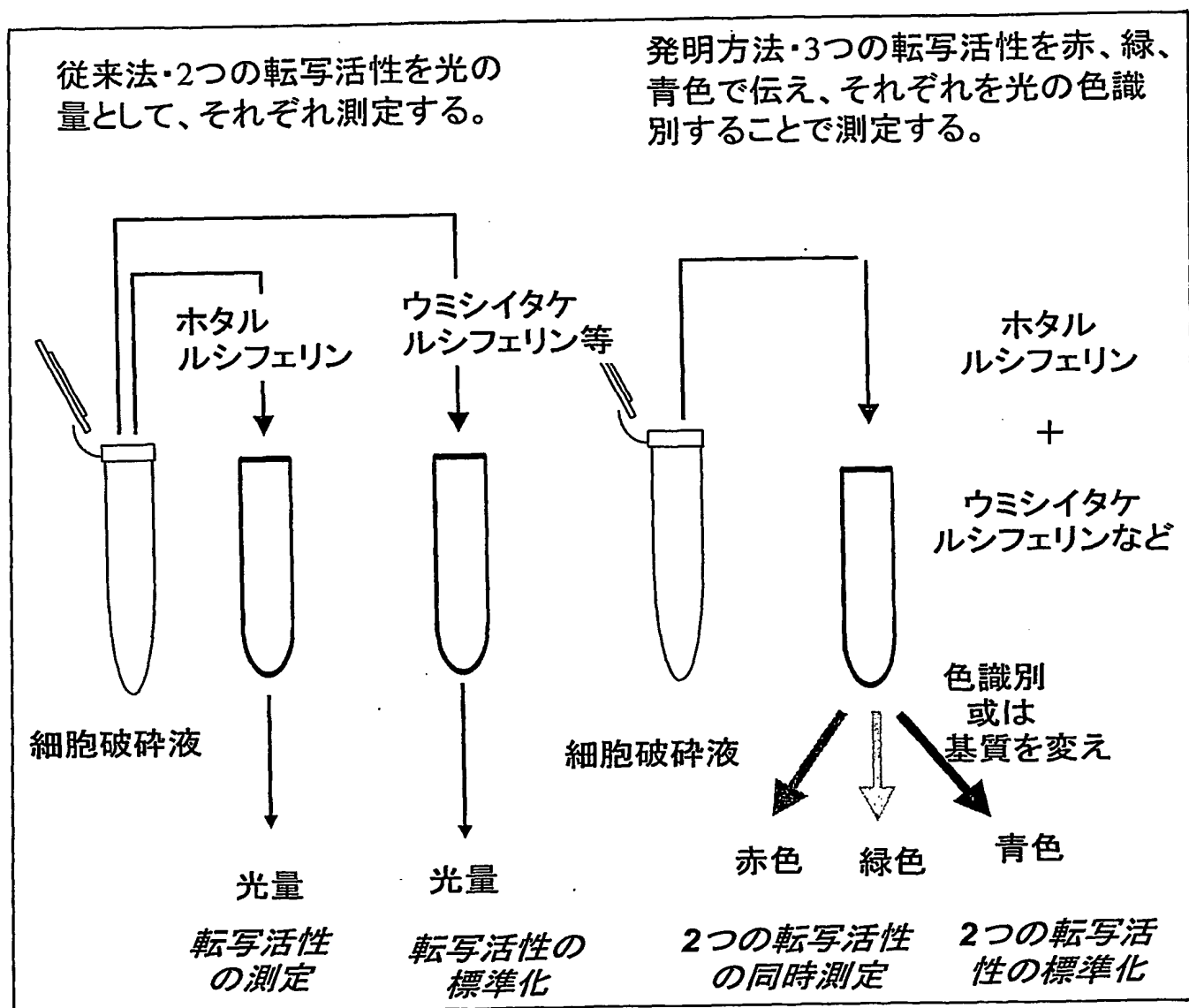
請求の範囲

1. 哺乳類細胞安定発現化された鉄道虫由来赤色及び緑色発光タンパク、並びにイリオモテボタル由来の緑色及び橙色発光タンパクからなる群から選ばれる少なくとも1種の発光タンパクをコードするDNAであって、該DNAは、a) 哺乳類細胞の余分な転写因子
- 5 の結合配列がなく、哺乳類用のコドンユーセージを有することを特徴とするDNA.
2. 哺乳類がヒトであり、配列番号7、10、11及び16からなる群から選ばれる少なくとも1種のヌクレオチド配列を有することを特徴とする請求項1に記載のDNA。
3. 鉄道虫またはイリオモテボタル由来発光タンパクをコードするDNAの哺乳類における発現を可能にする方法であって、
- 10 a) 余分な転写因子が結合しないように、cDNAの配列を変更する工程
b) cDNAの配列において、昆虫のコドンユーセージを哺乳類用に変更する工程、さらに任意に
c) 使用上、制限酵素部位が多いことで応用が限定されることからそのcDNAを変更する工程
- 15 を有することを特徴とする方法。
4. 発光タンパクのアミノ酸配列を変更しないことを特徴とする請求項3に記載の方法。
5. 最大発光波長が630nmである発光タンパクであって、以下のいずれかで表されるポリペプチド:
(i) 配列番号4のアミノ酸配列を有するポリペプチド
- 20 (ii) 配列番号4の配列において、1または複数個のアミノ酸が置換、付加、欠失してなるポリペプチド
6. 哺乳類細胞で発現されてなる請求項5に記載のポリペプチド。
7. 最大発光波長が535～635nmであって、発光波長が測定条件に実質的に依存しない光を発光する1または2以上の発光タンパク遺伝子を哺乳類細胞で安定発現可能な
- 25 ように組み込んでなる遺伝子構築物。
8. 最大発光波長が535～635nmであって、発光波長が測定条件に実質的に依存しない光を発光する1または2以上の発光タンパク遺伝子とともに最大発光波長が460～520nmの1または2以上の発光タンパク遺伝子を組み込んでなる、3以上の発光タンパク遺伝子を哺乳類細胞で安定発現可能である請求項7に記載の遺伝子構築物。

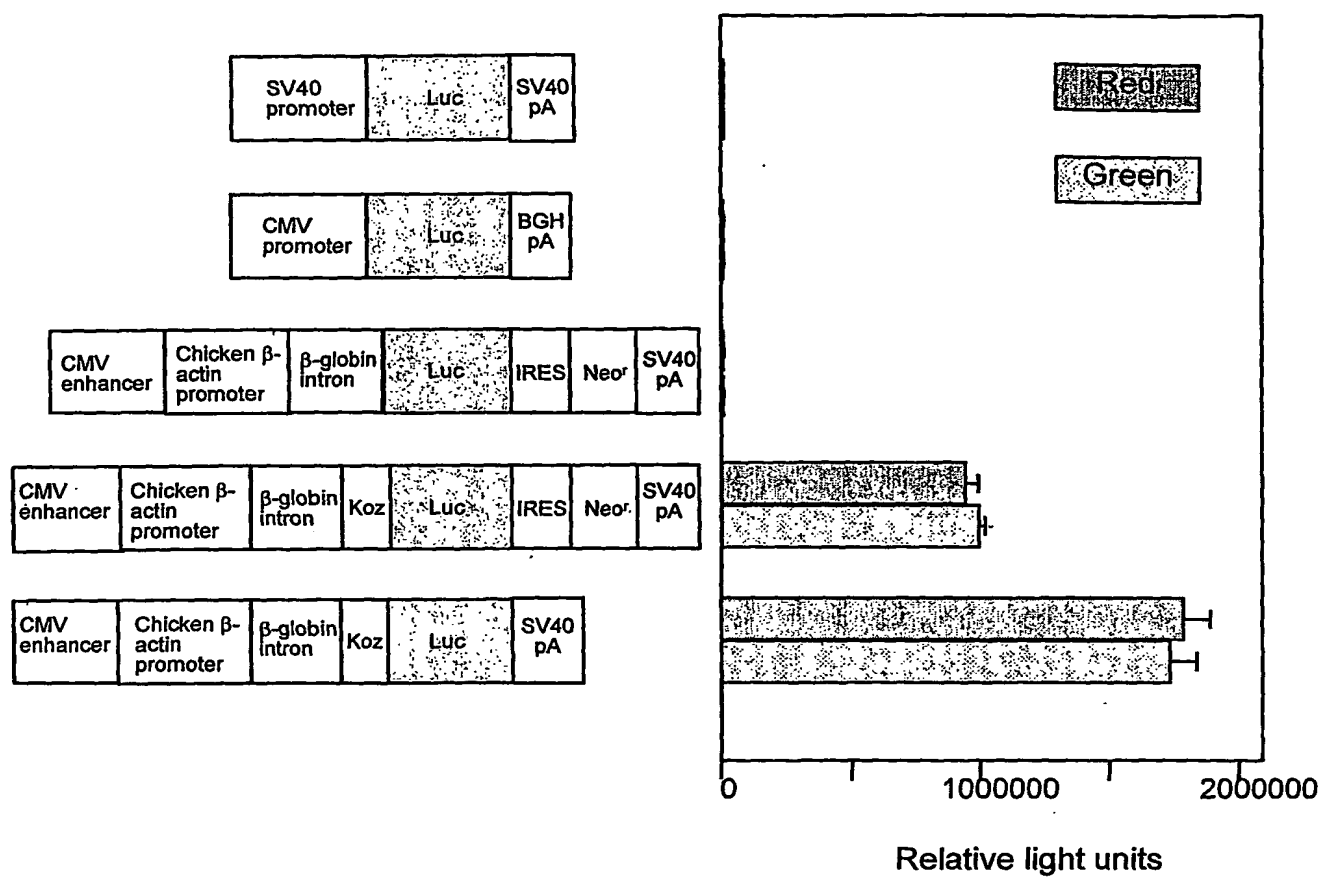
9. 前記発光タンパク遺伝子が、哺乳類細胞で安定発現化された鉄道虫由来赤色、緑色発光タンパクおよびイリオモテボタル由来の緑色、橙色発光タンパクからなる群から選ばれる少なくとも1種の発光タンパクをコードする遺伝子である請求項7に記載の遺伝子構築物。
- 5 10. 翻訳を効率化するエレメント及び／又はmRNAの安定化エレメントを含む請求項7に記載の遺伝子構築物。
11. 発光波長が測定条件に実質的に依存しない光を発光する1または2以上の発光タンパク遺伝子と、必要に応じて発光波長が測定条件に実質的に依存しない他の発光波長の光を発光する発光タンパク遺伝子を各々別個のプロモータの制御下に組み込んで
- 10 なり、2種以上の発光タンパクによる各発光を分別して測定可能である遺伝子構築物。
12. 請求項7～11のいずれかに記載の遺伝子構築物を含む発現ベクター。
13. 請求項7～11のいずれかに記載の遺伝子構築物または請求項8に記載の発現ベクターで形質転換された哺乳類細胞。
14. 発光波長が測定条件に実質的に依存しない相互に分別可能な光を発光する2以
- 15 上の発光タンパク遺伝子を別個のプロモータの制御下に哺乳類細胞で安定発現可能なように組み込んだ哺乳類細胞。
15. 2以上の前記発光タンパクは、最大発光波長が535～635nmであって、1つの発光基質で発光可能である請求項13または14に記載の哺乳類細胞。
16. 鉄道虫由来赤色発光タンパク遺伝子を含み、さらに鉄道虫由来緑色発光タンパク
- 20 遺伝子、イリオモテボタル由来の緑色発光タンパク遺伝子及び橙色発光タンパク遺伝子並びに青色発光タンパク遺伝子からなる群から選ばれる少なくとも2種を各々別個のプロモータの制御下に含む請求項15に記載の哺乳類細胞。
17. 発光波長が測定条件に実質的に依存しない相互に分別可能な光を発光する3以上の発光タンパク遺伝子を別個のプロモータの制御下に哺乳類細胞で安定発現可能な
- 25 ように組み込んでなる請求項14に記載の哺乳類細胞。
18. 別個のプロモータの制御下にある3以上の発光タンパク遺伝子を有し、第1の発光タンパク遺伝子が定常発現プロモータの制御下にあり、第2の発光タンパク遺伝子が毒性評価プロモータの制御下にあり、残りの1以上の発光タンパク遺伝子が評価対象のプロモータの制御下にある請求項14に記載の哺乳類細胞。

19. 別個のプロモータの制御下にある3以上の発光タンパク遺伝子を有し、第1の発光タンパク遺伝子が定常発現プロモータの制御下であり、第2の発光タンパク遺伝子が偽プロモータの制御下であり、残りの1以上の発光タンパク遺伝子が評価対象のプロモータの制御下にある請求項14に記載の哺乳類細胞。
- 5 20. 別個のプロモータの制御下にある4以上の発光タンパク遺伝子を有し、第1の発光タンパク遺伝子が定常発現プロモータの制御下であり、第2の発光タンパク遺伝子が毒性評価プロモータの制御下であり、第3の発光タンパク質が外的因子を受容するタンパクのプロモータであり、残りの1以上の発光タンパク遺伝子が評価対象のプロモータの制御下にある請求項14に記載の哺乳類細胞。
- 10 21. 別個のプロモータの制御下にある4以上の発光タンパク遺伝子を有し、第1の発光タンパク遺伝子が定常発現プロモータの制御下であり、第2の発光タンパク遺伝子が偽プロモータの制御下であり、第3の発光タンパク質が外的因子を受容するタンパクのプロモータであり、残りの1以上の発光タンパク遺伝子が評価対象のプロモータの制御下にある請求項14に記載の哺乳類細胞。
- 15 22. 別個のプロモータの制御下にある2個の前記発光タンパク遺伝子を有し、第1の発光タンパク遺伝子が定常発現プロモータの制御下であり、第2の発光タンパク遺伝子が毒性評価プロモータの制御下にある請求項14に記載の哺乳類細胞。
23. 別個のプロモータの制御下にある2個の前記発光タンパク遺伝子を有し、第1の発光タンパク遺伝子が定常発現プロモータの制御下であり、第2の発光タンパク遺伝子が
- 20 偽プロモータの制御下にある請求項14に記載の哺乳類細胞。
24. 請求項18～21のいずれかに記載の哺乳類細胞の培養液中に薬物候補化合物を存在させて該哺乳類細胞を培養する工程、該候補化合物の存在下及び非存在下で前記発光タンパク量を定量する工程、少なくとも1つの発光タンパクに連結された少なくとも1つの評価対象プロモータに対する該候補化合物の影響を評価する工程を包含する薬物のスクリーニング方法。
25. 請求項13～23のいずれかの哺乳類細胞の培養環境を変化させて、発光波長が測定条件に依存しない相互に分別可能な光を発光する2以上の発光タンパクの発現量を評価することにより、培養環境変化の前後における各発光タンパクに結合された各プロモータの転写活性をマルチに測定するシステム。

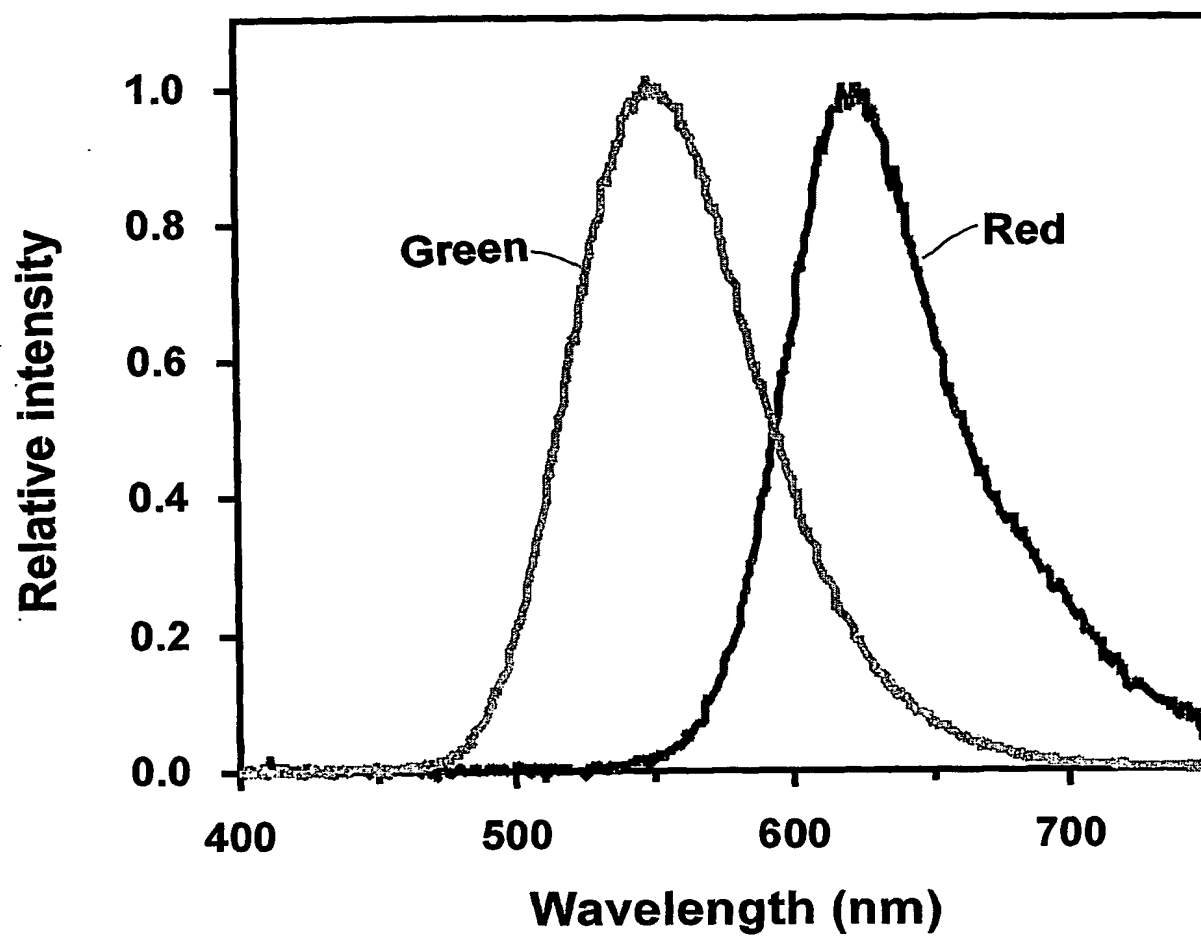
26. 2以上の発光タンパクの発現量を同時に測定する請求項23に記載のシステム。
27. 3以上の発光タンパクの発現量を測定可能である請求項23に記載のシステム。

1 / 2 2
Fig. 1

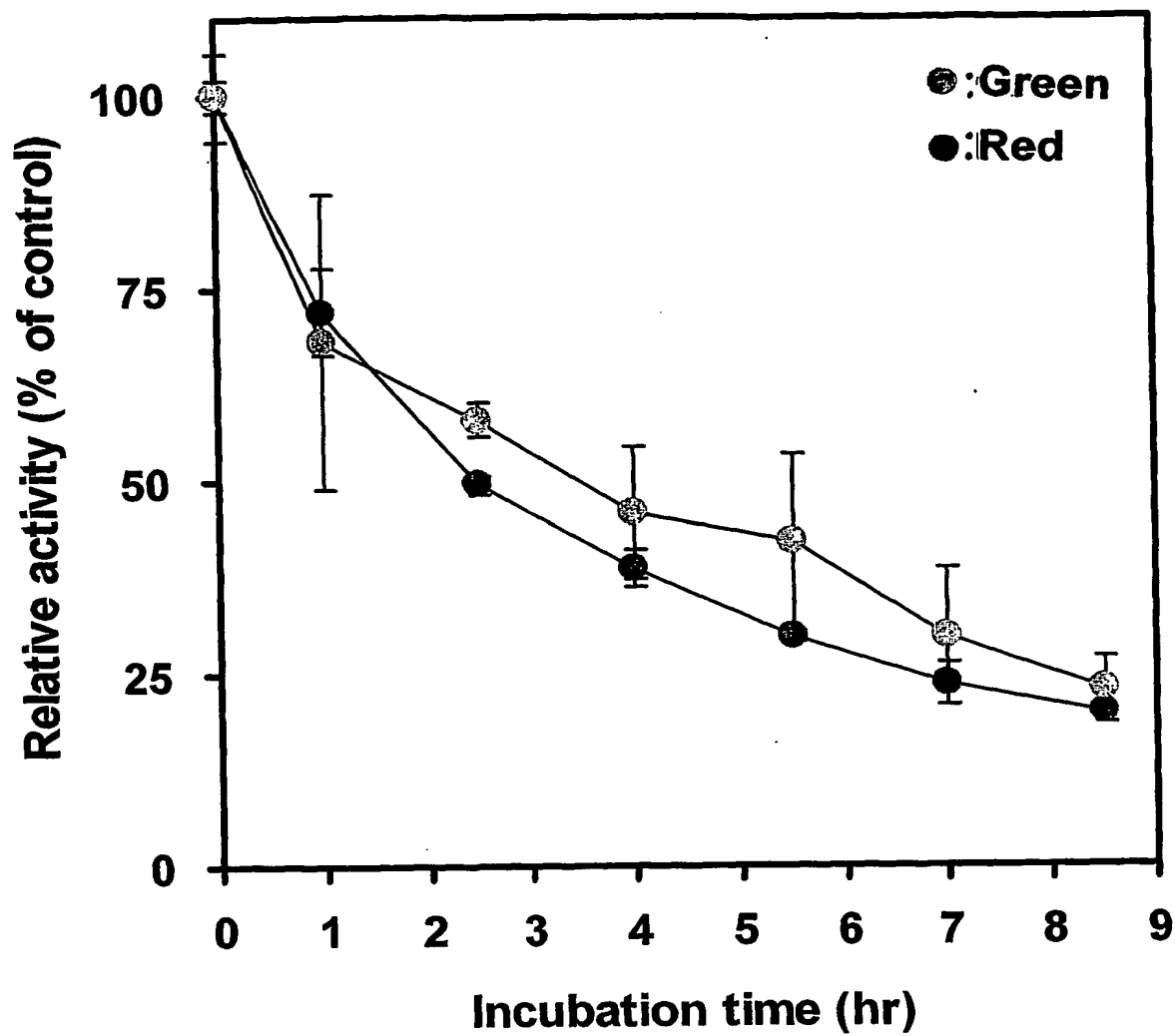
2 / 2 2
F i g . 2



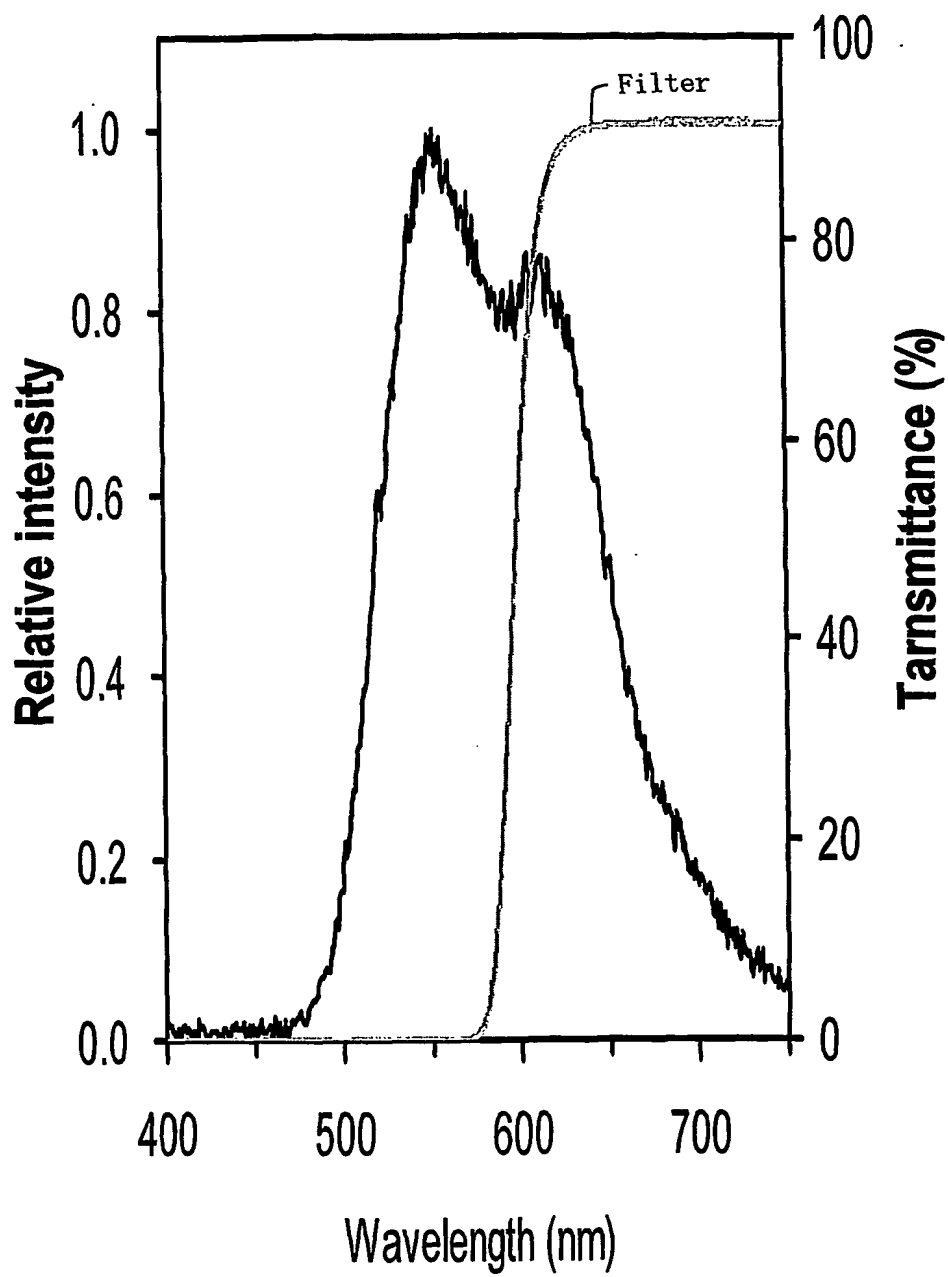
3 / 2 2
F i g . 3



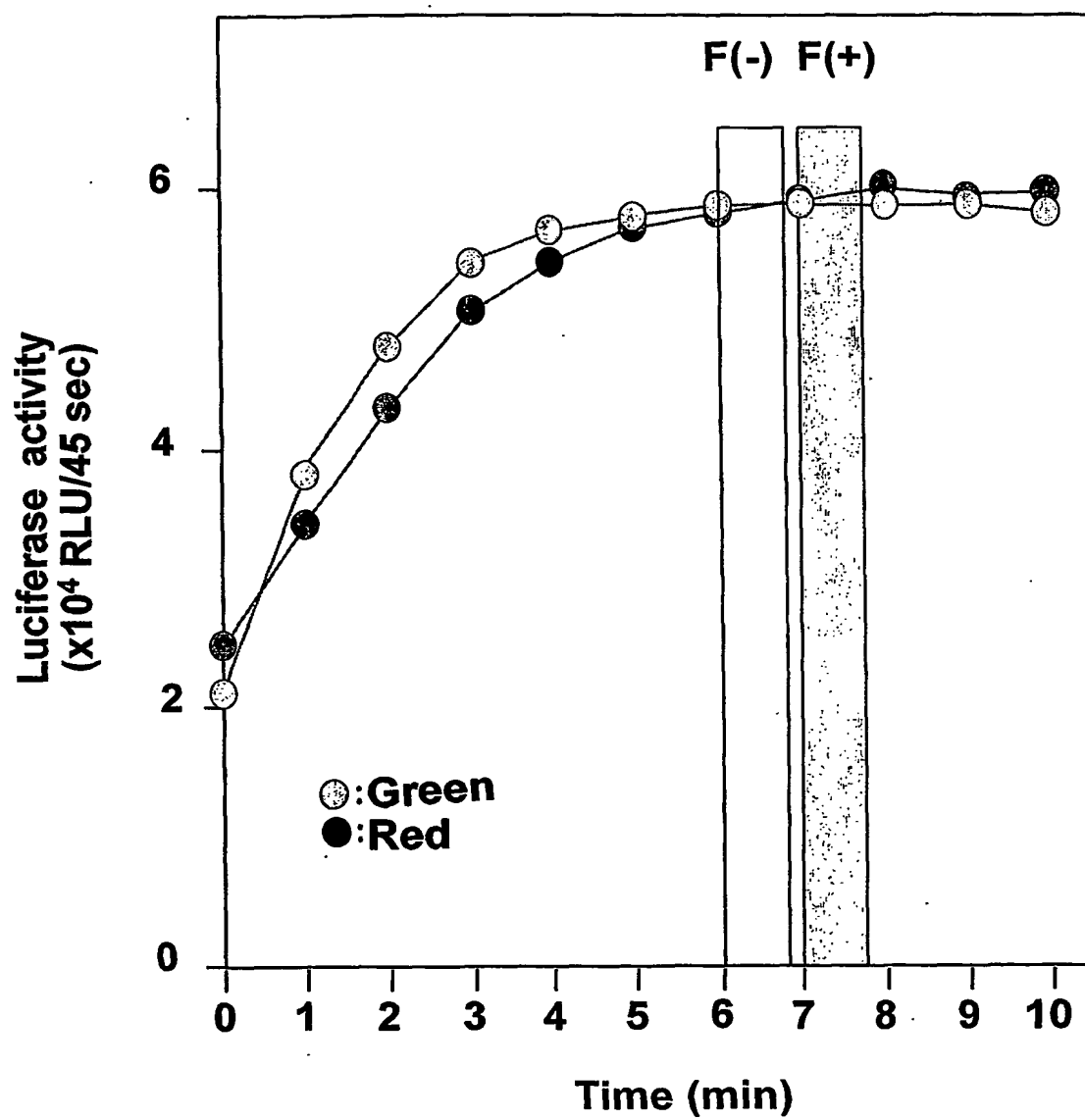
4 / 2 2
F i g . 4



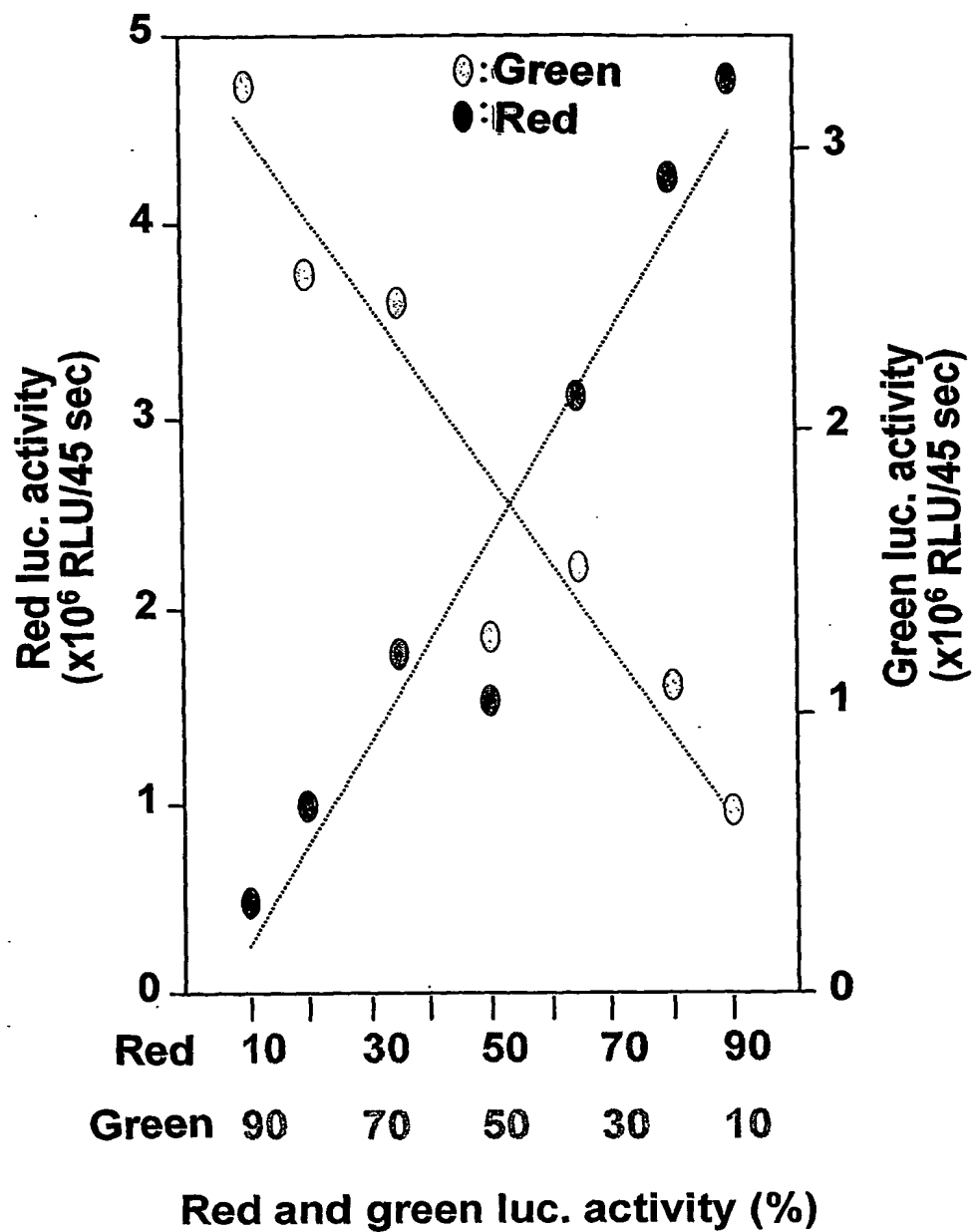
5 / 2 2
F i g . 5

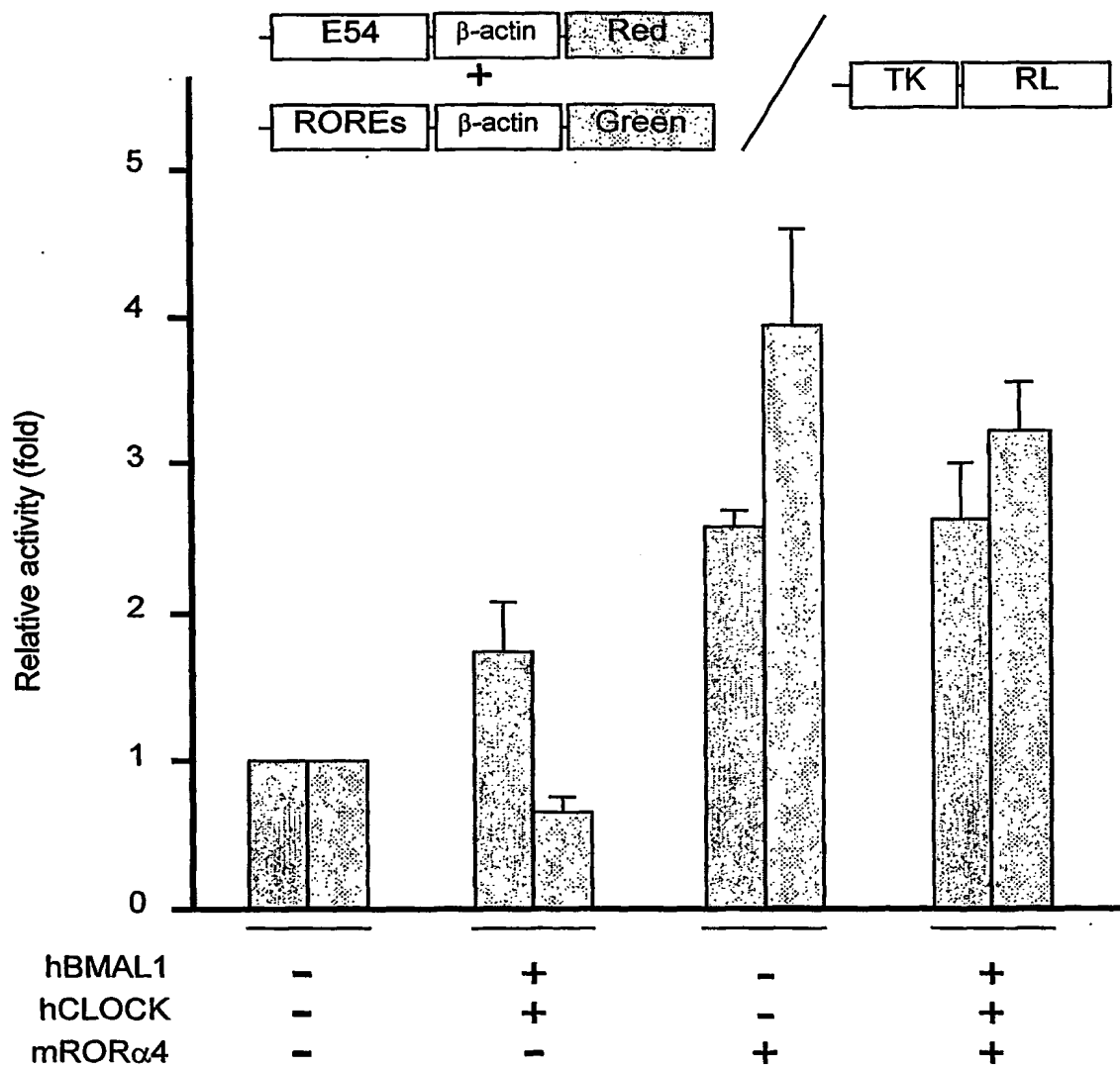


6 / 22
Fig. 6

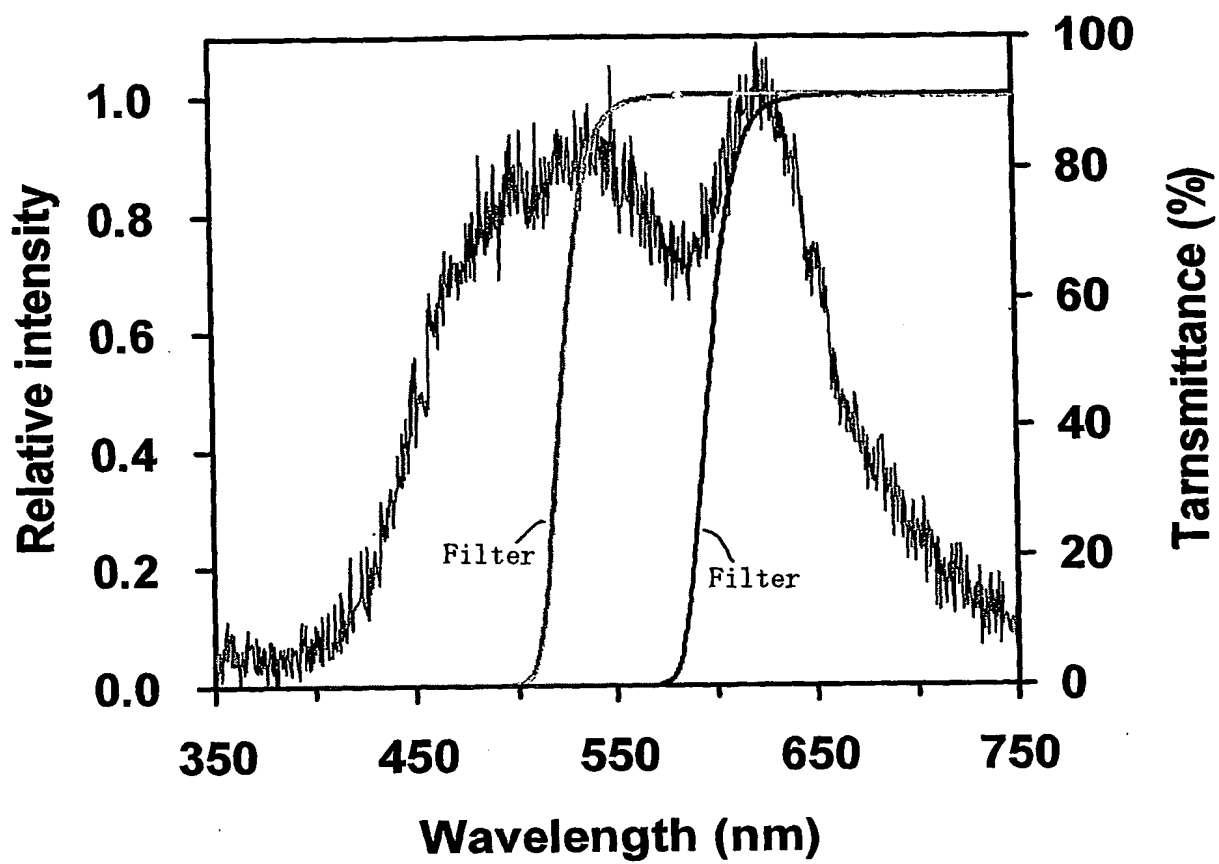


7 / 22
Fig. 7

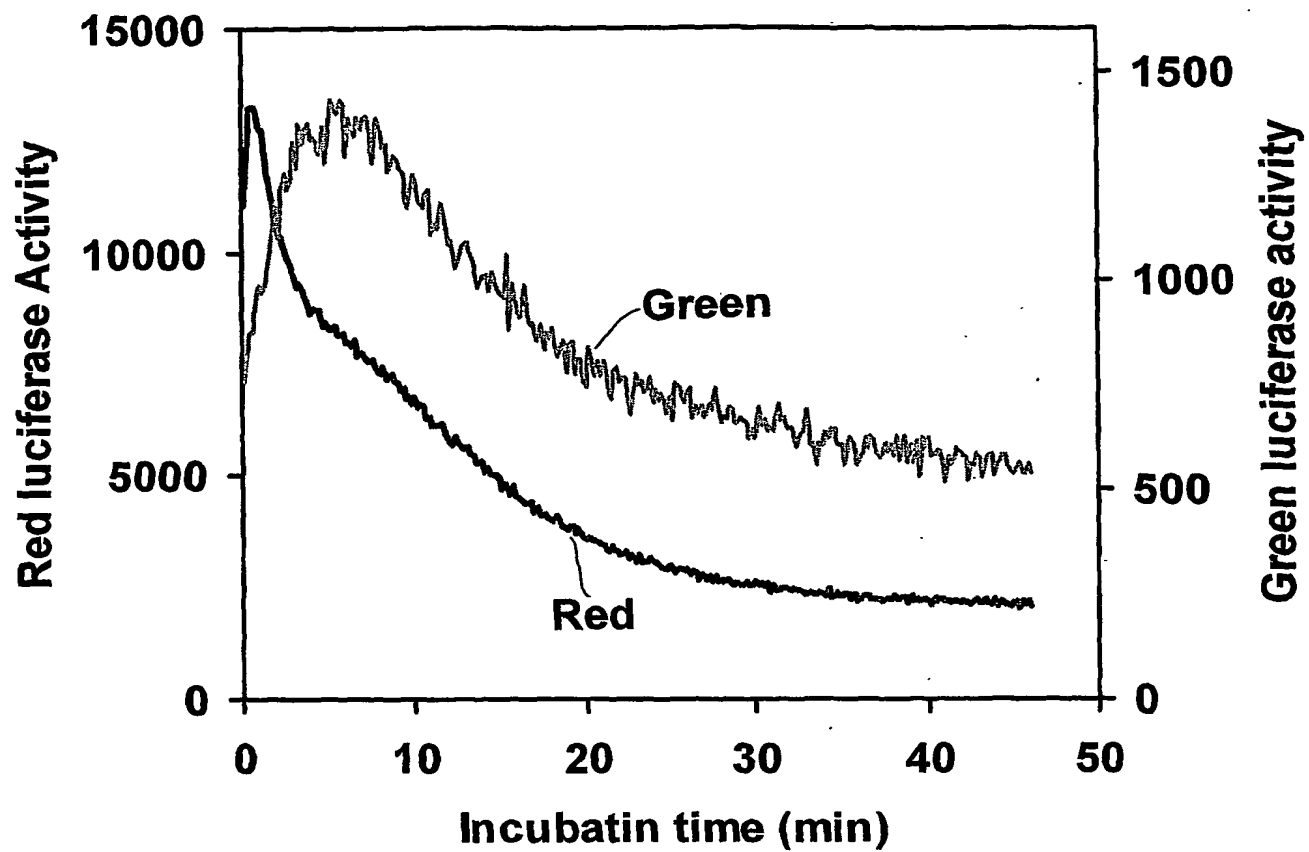


8 / 22
Fig. 8

9 / 22
Fig. 9



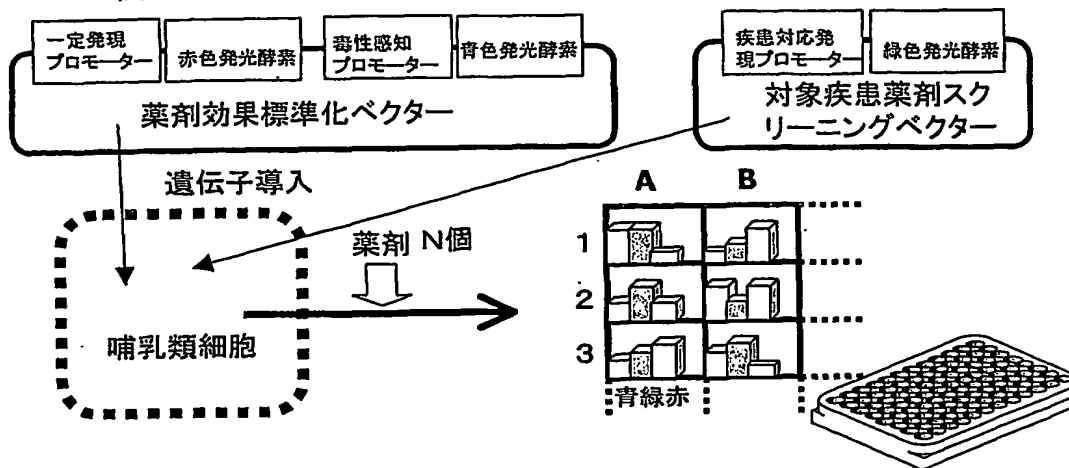
10/22
Fig. 10



11/22
Fig. 11

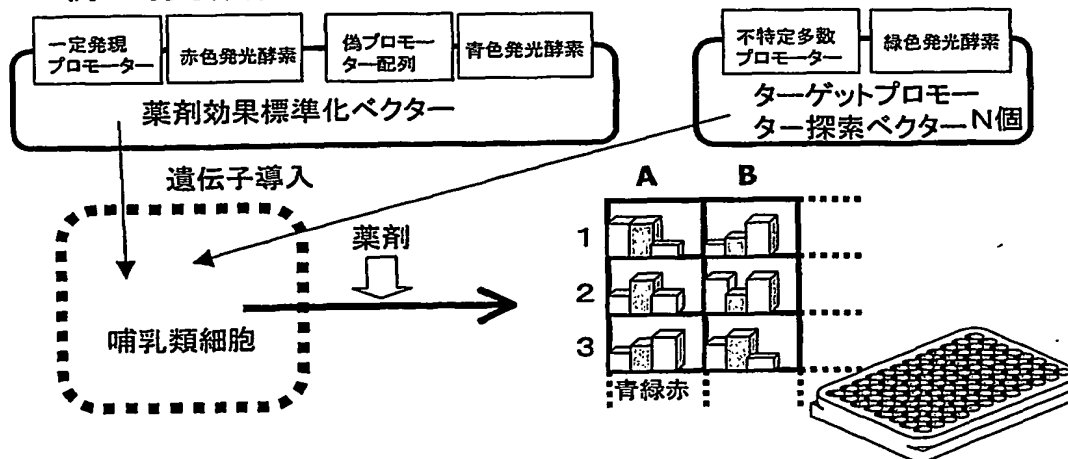
一次スクリーニングで多検体を網羅解析する

例1 疾患対応遺伝子発現を誘導する薬剤のスクリーニング



例えば、この一次スクリーニングでは赤色発光酵素がコントロールとなり、青色は毒性を感知、緑色は薬剤の効果を感知する。よって、A1カラムの薬剤は疾患に効果があるが、致命的に働く、A2カラムの薬剤はA1に比べてほぼ同様な効果があり、且つA1に比べて安全であると評価できる。

例2 ある薬剤が効果を及ぼす遺伝子発現領域のスクリーニング

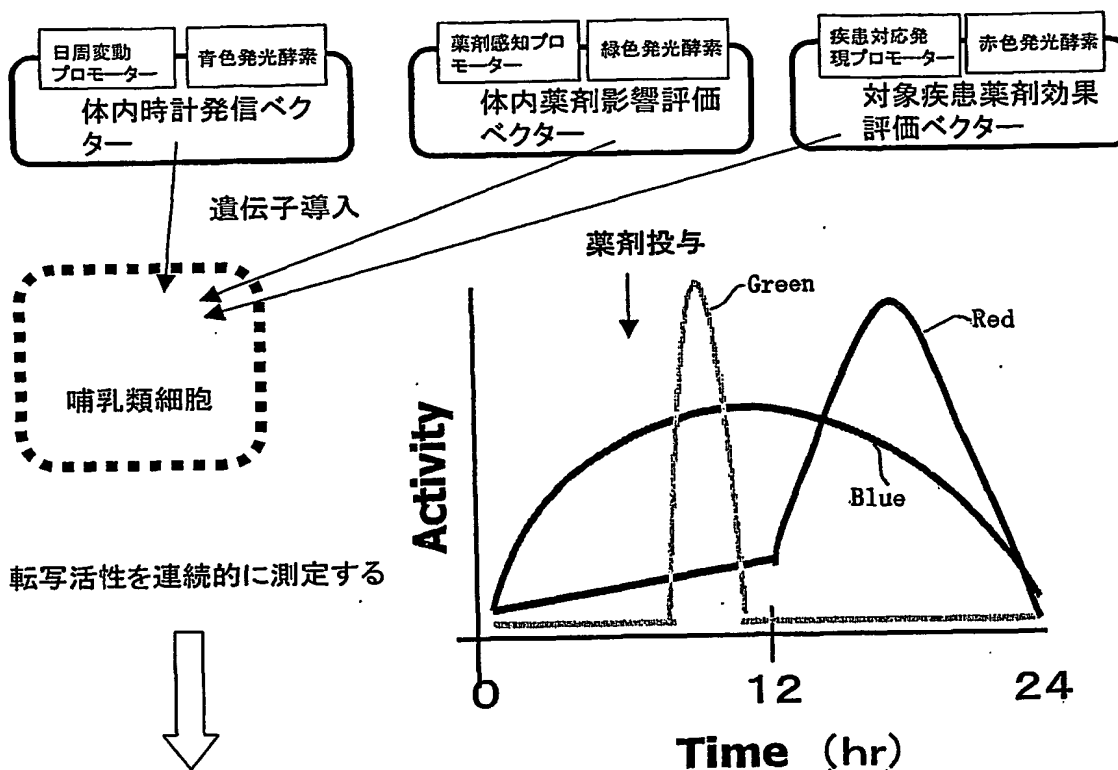


例えば、この一次スクリーニングでは赤色発光酵素がコントロールとなり、緑色発光酵素には、プロモーター配列ライブラリーから得られた未知機能のプロモーターの活性をレポートする、偽プロモーター配列を青色酵素に挿入、非特異的な効果を評価する。プロモーターターゲットが定まらない薬剤のターゲット部位をスクリーニングする。よって、ある薬剤に対してA1カラムの選択プロモーターでは一見効果があるが、青色で判断すると非特異的な可能性がある、A2カラムではA1と同様な効果があり、且つ青色で判断する限り非特異的ではない。

12 / 22
Fig. 12

二次スクリーニングでは個別事象を評価する

例 身体の日周変動を理解した上での創薬



例えば、二次スクリーニングでは対象疾患に対して効果のある薬剤が、患者に対して有効に働くか、或いは何時投与することが重要であるかを評価できる。青色発光酵素は人の体内時計の日周を現すプロモーターで最大値は昼間12時に対応、緑色発光酵素は薬剤の一過的な影響を、赤色発光酵素は薬剤が最終的に働くプロモーター領域を想定する。青色の朝6時に薬剤を投与すると、そのショックで1時間後に薬剤に対する影響を示す緑色が一過的に立ち上がるが、その影響は数時間で消え、お昼ぐらいから薬剤の効果が緩やかに立ち上がることがわかる。この結果から、投与時間の設計、薬剤の影響と効果を適切なものにする創薬が可能となる。

F i g . 1 3

RedWT 1 ATGGAAGAAGAAACATATGAAATGGAGATCGTCTCGGATCTAGTITTTCTGGGCACA 60
REDm 1 ATGGAAGAAGAAACATATGGAATGGGATCGCTCTCGGATCTGTTGTTCTCTGGGCACA 60

RedWT 61 GCGAGGACTACAAATATATCAATCATATATAAATATTCATATATACGACGGAATATATC 120
REDm 61 GCGGGCTCTAGGCTATATCAATCCCTATATAAATATCTCTATATATACGACGGAATATATC 120

RedWT 121 GAGGCCCAACCAAGAGATATATATCATATGATGCTCAATATTTGAAACAGGTGCCGCTG 180
REDm 121 GAGGCCCAACCAAGAGATATATCTCTATGCTCAGATTTTCTGAAACAGGTGCCGCTG 180

RedWT 181 GCAATATAGCTTACAAATATATGCTGGATGGATCAACAAATGTTGGGCAATATGCAATGAA 240
REDm 181 GCGGTATAGCTTACAAATATATGCTGGATGGATCAACAAATGTTGGGCAATATGCAATGAA 240

RedWT 241 AACAACATACACTTTTGGCCCTTATATGCTGCTTATACCAAGGAATCAATGGA 300
REDm 241 AACAACATACACTTTTGGCCCTTATATGCTGCTTATACCAAGGAATCAATGGA 300

RedWT 301 ACATCAATGATATGTACACAGAGAGGAGATGATGGCCATATGAAATATCTCAACCA 360
REDm 301 ACATCAATGATATGTACACAGAGAGGAGATGATGGCCATATGAAATATCTCAACCA 360

RedWT 361 TGGCTATATGTTTGGTTCAGAAATTCATTCATTATATCTGAAGATACAAATCAATTA 420
REDm 361 TGGCTATATGTTTGGTTCAGAAATTCATTCATTATATCTGAAGATACAAATCAATTA 420

RedWT 421 GATTTCTTAAAGATATATATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 480
REDm 421 GATTTCTTAAAGATATATATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 480

RedWT 481 GTATTATGCTTGGTTCAGCTTATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 540
REDm 481 GTATTATGCTTGGTTCAGCTTATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 540

RedWT 541 AAAGAGTTTGTATCCCTGGAGAGAACCGGATATATATGACATCTCTGGAACAACTGA 600
REDm 541 AAAGAGTTTGTATCCCTGGAGAGAACCGGATATATGACATCTCTGGAACAACTGA 600

RedWT 601 TTGCTTAAGGCTTATATATGAGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 660
REDm 601 TTGCTTAAGGCTTATATATGAGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 660

RedWT 661 GATCCCATCTATGAGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 720
REDm 661 GATCCCATCTATGAGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 720

RedWT 721 CACTAGGCTTGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 780
REDm 721 CACTAGGCTTGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 780

RedWT 781 ATGGTGAAATATTTGAGGGGCAATTTCTTCTTAAACCATCAAAATACAAATATGCT 840
REDm 781 ATGGTGAAATATTTGAGGGGCAATTTCTTCTTAAACCATCAAAATACAAATATGCT 840

RedWT 841 TCTATATATATCTCTCTCTCAATATGGTATATTTGGGTAAGAGCTCAATATGATGAA 900
REDm 841 TCTATATATATCTCTCTCTCAATATGGTATATTTGGGTAAGAGCTCAATATGATGAA 900

RedWT 901 TACAATATATCTAGGCTTACAGGATATGCTTGTGGAGGCTCTCTCTTGGGAGAGATATC 960
REDm 901 TACAATATATCTAGGCTTACAGGATATGCTTGTGGAGGCTCTCTCTTGGGAGAGATATC 960

RedWT 961 GCGAGATATATGAGGAGAGATGAGGATATGAGGATATGAGGATATGAGGATATGAGG 1020
REDm 961 GCGAGATATATGAGGAGAGATGAGGATATGAGGATATGAGGATATGAGGATATGAGG 1020

RedWT 1021 GAGACCTGAGGCTTATATATGAGGCTTATGAGGCTTATGAGGCTTATGAGGCTTAT 1080
REDm 1021 GAGACCTGAGGCTTATATATGAGGCTTATGAGGCTTATGAGGCTTATGAGGCTTAT 1080

RedWT 1081 GGAAGCTTATGCTTATGCTTATGCTTATGCTTATGCTTATGCTTATGCTTATGCTTAT 1140
REDm 1081 GGAAGCTTATGCTTATGCTTATGCTTATGCTTATGCTTATGCTTATGCTTATGCTTAT 1140

RedWT 1141 GGACCAAGAGAAATGGGCAATATGCTTCAAGAGCTCAAGATGCTTATGAGGCTTAT 1200
REDm 1141 GGACCAAGAGAAATGGGCAATATGCTTCAAGAGCTCAAGATGCTTATGAGGCTTAT 1200

RedWT 1201 AACCAATCCAGGCTTATGCTTATGCTTATGCTTATGCTTATGCTTATGCTTATGCTTAT 1260
REDm 1201 AACCAATCCAGGCTTATGCTTATGCTTATGCTTATGCTTATGCTTATGCTTATGCTTAT 1260

RedWT 1261 CTGGGCTTATGCTTATGCTTATGCTTATGCTTATGCTTATGCTTATGCTTATGCTTAT 1320
REDm 1261 CTGGGCTTATGCTTATGCTTATGCTTATGCTTATGCTTATGCTTATGCTTATGCTTAT 1320

RedWT 1321 AATATATATGCTTATGCTTATGCTTATGCTTATGCTTATGCTTATGCTTATGCTTAT 1380
REDm 1321 AATATATATGCTTATGCTTATGCTTATGCTTATGCTTATGCTTATGCTTATGCTTAT 1380

RedWT 1381 AATATATGCTTATGCTTATGCTTATGCTTATGCTTATGCTTATGCTTATGCTTATGCT 1440
REDm 1381 AATATATGCTTATGCTTATGCTTATGCTTATGCTTATGCTTATGCTTATGCTTATGCT 1440

RedWT 1441 GCGTGTGCTTATGCTTATGCTTATGCTTATGCTTATGCTTATGCTTATGCTTATGCT 1500
REDm 1441 GCGTGTGCTTATGCTTATGCTTATGCTTATGCTTATGCTTATGCTTATGCTTATGCT 1500

RedWT 1501 GCGAGCTTATGCTTATGCTTATGCTTATGCTTATGCTTATGCTTATGCTTATGCTTAT 1560
REDm 1501 GCGAGCTTATGCTTATGCTTATGCTTATGCTTATGCTTATGCTTATGCTTATGCTTAT 1560

RedWT 1561 GGAAGGCCCCAACGGAATATGAGAAACGAACTCCGAGCAATATTTGCCCGGAG 1620
REDm 1561 GGAAGGCCCCAACGGAATATGAGAAACGAACTCCGAGCAATATTTGCCCGGAG 1620

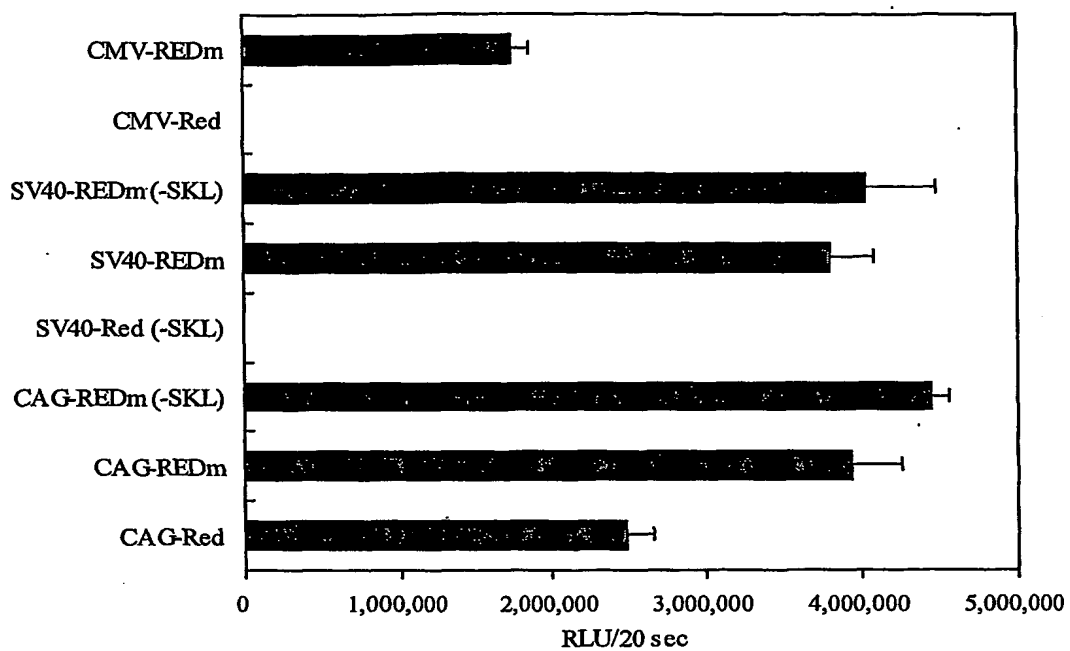
RedWT 1621 CAGGCAATATCAATATATAT 1641
REDm 1621 CAGGCAATATCAATATATAT 1641

14/22

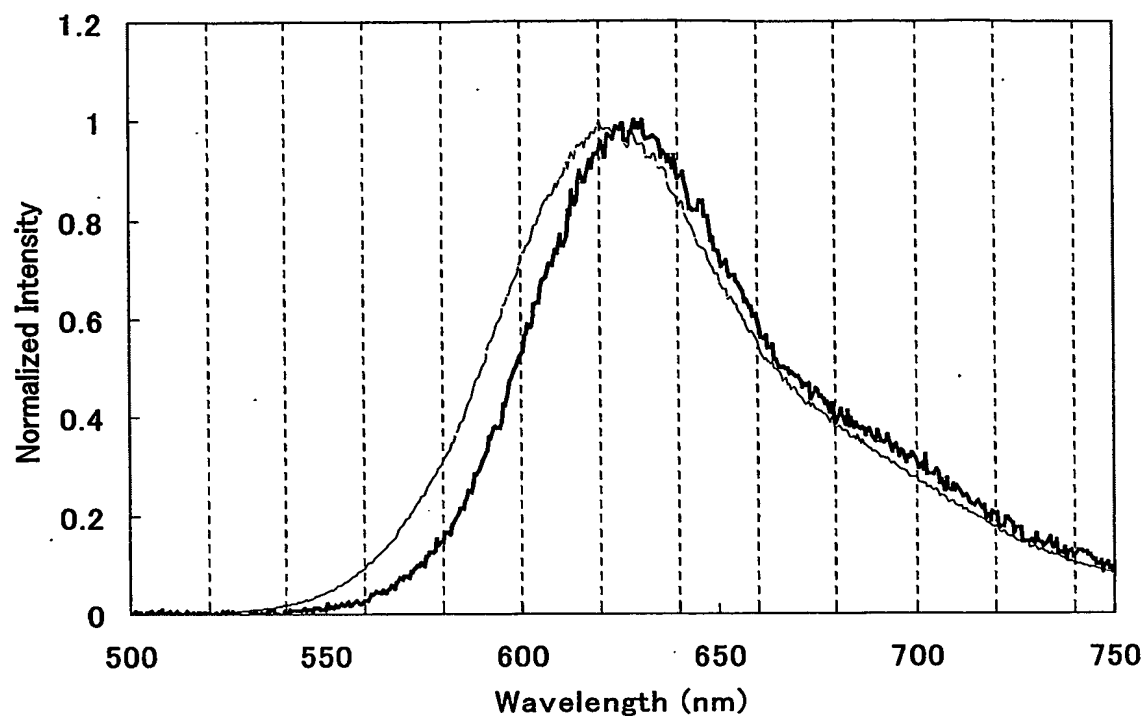
Fig. 14

REDm	1	ATGGAAGAAGAAACATCTGGAATGGATCGCCCTGGGATCTGGTGTTCCTGGCACA	60
WO2003-016839	1	ATGGAAGAAGAAACATCTGGAATGGATCGCCCTGGGATCTGGTGTTCCTGGCACA	60
REDm	61	GCAGCTGACAGCTGTATCAGTCTGTATAAATAATCTACATCACACACGGATATATC	120
WO2003-016839	61	GCAGCTGACAGCTGTATCAGTCTGTATAAATAATCTACATCACACACGGATATATC	120
REDm	121	SACGCCCAACCAACGAGGTATCTCTATGCTAGATTTTAAACAAAGTGGCGCTG	180
WO2003-016839	121	SACGCCCAACCAACGAGGTATCTCTATGCTAGATTTTAAACAAAGTGGCGCTG	180
REDm	181	GCCTGAGCTGGAGAAGTATGGCTGGATCACAACAACTGGTGGCCATTTGACGAG	240
WO2003-016839	181	GCCTGAGCTGGAGAAGTATGGCTGGATCACAACAACTGGTGGCCATTTGACGAG	240
REDm	241	AACAACATCACTTTTCGGCCCTCTGATCTGCTCCCTATACCAAGGATTCGAATGGC	300
WO2003-016839	241	AACAACATCACTTTTCGGCCCTCTGATCTGCTCCCTATACCAAGGATTCGAATGGC	300
REDm	301	ACATCAACGATATGTACACAGAGAGGAGATGATGGCCATGAACATCTCCAGGCCA	360
WO2003-016839	301	ACATCAACGATATGTACACAGAGAGGAGATGATGGCCATGAACATCTCCAGGCCA	360
REDm	361	TGCTGATGTTCTGTTCAGAAATCTCTGCCATTCATCTGAAGGTGCAGAAGCACCTG	420
WO2003-016839	361	TGCTGATGTTCTGTTCAGAAATCTCTGCCATTCATCTGAAGGTGCAGAAGCACCTG	420
REDm	421	GACTTTCTGAAAGTATCTGATCTGATCTGATCTGATCTGATCTGATCTGATCTGAT	480
WO2003-016839	421	GACTTTCTGAAAGTATCTGATCTGATCTGATCTGATCTGATCTGATCTGATCTGAT	480
REDm	481	GTCTTCAGTTCTGCTCTCGGTACACATCACGCTTCGATCCAGTGAAGTTCAACCC	540
WO2003-016839	481	GTCTTCAGTTCTGCTCTCGGTACACATCACGCTTCGATCCAGTGAAGTTCAACCC	540
REDm	541	AAAGAGTTGATCCCTGAAAGAACCCGCTGATATGACATCTCTGGACAACTGGA	600
WO2003-016839	541	AAAGAGTTGATCCCTGAAAGAACCCGCTGATATGACATCTCTGGACAACTGGA	600
REDm	601	CTGCCTAAGGGCTGTGATCTCACAGAGCATACATCAGATTCTGCTCAACAGCAG	660
WO2003-016839	601	CTGCCTAAGGGCTGTGATCTCACAGAGCATACATCAGATTCTGCTCAACAGCAG	660
REDm	661	GATCCCATCTACGGCACCCTGATGCCCCAGATACATCAATCTGGCTATCGACCTTC	720
WO2003-016839	661	GATCCCATCTACGGCACCCTGATGCCCCAGATACATCAATCTGGCTATCGACCTTC	720
REDm	721	CATCACGCTTGGACTGTTTACCTGCTGGCTTACTTCCATGCTGAAGATCTG	780
WO2003-016839	721	CATCACGCTTGGACTGTTTACCTGCTGGCTTACTTCCATGCTGAAGATCTG	780
REDm	781	ATGGTGAAGAAATTTGAGGGCGAGTTCTTCTGAAACCATACAAATACAAAGATCGCT	840
WO2003-016839	781	ATGGTGAAGAAATTTGAGGGCGAGTTCTTCTGAAACCATACAAATACAAAGATCGCT	840
REDm	841	TCTATGCTGTGCTCTCTCCATATGCTTATCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG	900
WO2003-016839	841	TCTATGCTGTGCTCTCTCCATATGCTTATCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG	900
REDm	901	TACAAATATCTCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG	960
WO2003-016839	901	TACAAATATCTCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG	960
REDm	961	GCAGAAAGTGTGCAAGAGACTGAAGTCTGATCTCTCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG	1020
WO2003-016839	961	GCAGAAAGTGTGCAAGAGACTGAAGTCTGATCTCTCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG	1020
REDm	1021	SAGACCTGTAGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG	1080
WO2003-016839	1021	SAGACCTGTAGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG	1080
REDm	1081	GCACCCCTATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG	1140
WO2003-016839	1081	GCACCCCTATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG	1140
REDm	1141	GGACCAAGAGAGAGAGGCGAGATGCTTCAAGAGCAGATGCTGATGAAGGGTATCAC	1200
WO2003-016839	1141	GGACCAAGAGAGAGAGGCGAGATGCTTCAAGAGCAGATGCTGATGAAGGGTATCAC	1200
REDm	1201	AACAACTCTAGGCCACTAGGGATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG	1260
WO2003-016839	1201	AACAACTCTAGGCCACTAGGGATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG	1260
REDm	1261	CTGGGTAATACGACGAGACAGATTATCTATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG	1320
WO2003-016839	1261	CTGGGTAATACGACGAGACAGATTATCTATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG	1320
REDm	1321	AAGTAATAGGCTACAGGTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG	1380
WO2003-016839	1321	AAGTAATAGGCTACAGGTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG	1380
REDm	1381	AAATCTCTGATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG	1440
WO2003-016839	1381	AAATCTCTGATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG	1440
REDm	1441	GCCTGTGTCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG	1500
WO2003-016839	1441	GCCTGTGTCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG	1500
REDm	1501	GCAGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG	1560
WO2003-016839	1501	GCAGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG	1560
REDm	1561	CCAAAGGCCCAACAGGAACTGATGAGAAACGACTGAGGGCTATCTTTGCTGCTG	1620
WO2003-016839	1561	CCAAAGGCCCAACAGGAACTGATGAGAAACGACTGAGGGCTATCTTTGCTGCTG	1620
REDm	1621	CAGGCATAGTCTAAGCTGTAA	1641
WO2003-016839	1621	CAGGCATAGTCTAAGCTGTAA	1641

15 / 22
Fig. 15



16/22
Fig. 16

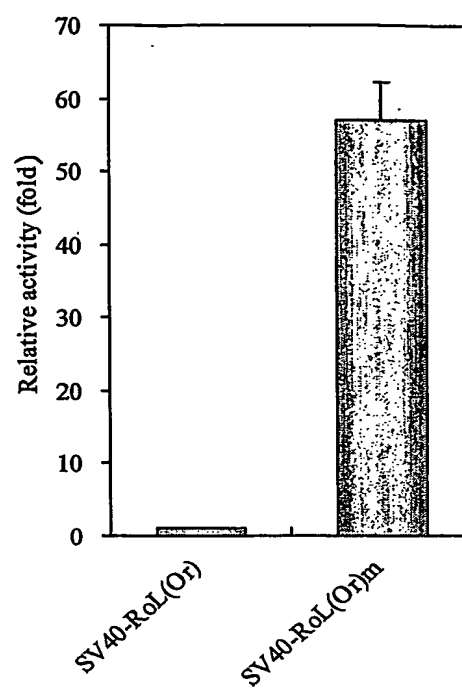
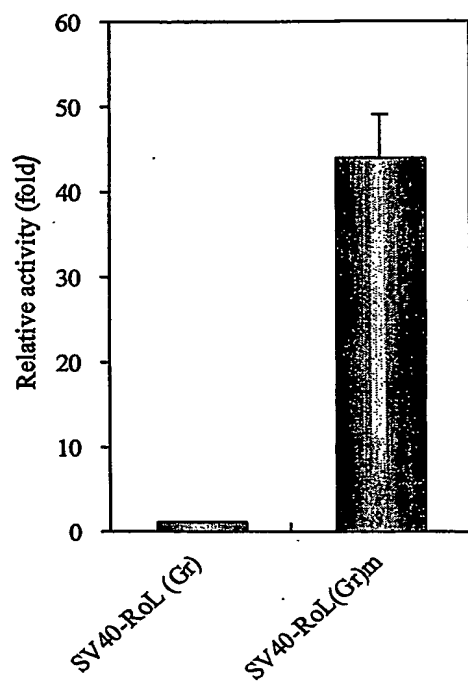


17/22

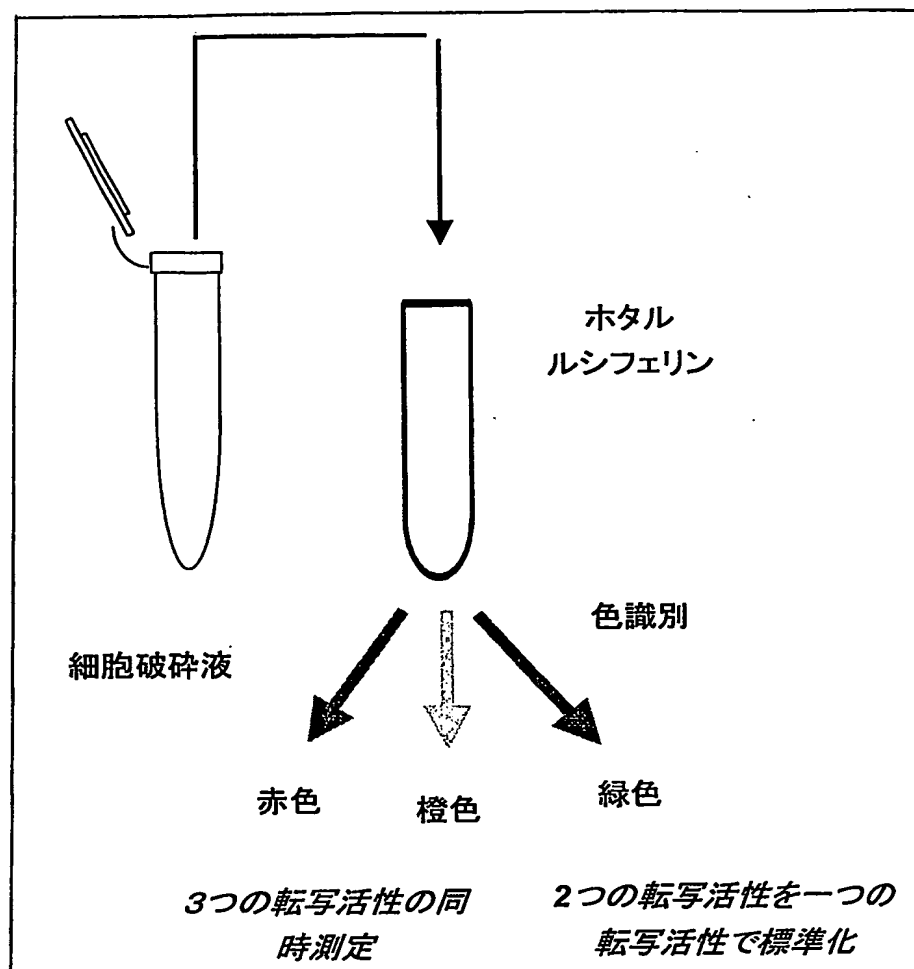
Fig. 17

RoLm	1	ATGCTAAGGATCATCTCTCAAGGCCAACTCAGSACCCCTGACCTGGGACC	60
RoLWT	1	ATGCTAAGGATCATCTCTCAAGGCCAACTCAGSACCCCTGACCTGGGACC	60
RoLm	61	GCAGGATTCATCTATAGGGCTTTGACGAATTTTCCTTTTAAAGGGAAGCCGTGATC	120
RoLWT	61	GCAGGATTCATCTATAGGGCTTTGACGAATTTTCCTTTTAAAGGGAAGCCGTGATC	120
RoLm	121	GACGCCACACCCGAGGAGGTGTCTTACGCCACATCTGGGAACAGCTGTAGATG	180
RoLWT	121	GACGCCACACCCGAGGAGGTGTCTTACGCCACATCTGGGAACAGCTGTAGATG	180
RoLm	181	GCTAATGCTACGAACTAAGCCCTGCGCAACACAGCGTATTCCTGTGTCAGCGAG	240
RoLWT	181	GCTAATGCTACGAACTAAGCCCTGCGCAACACAGCGTATTCCTGTGTCAGCGAG	240
RoLm	241	AAGAGCACATCTTCTTCTACCCCGTATTCGGCTCTGTAATGGGCTGTATACGG	300
RoLWT	241	AAGAGCACATCTTCTTCTACCCCGTATTCGGCTCTGTAATGGGCTGTATACGG	300
RoLm	301	ACCGTAATGATAGTATACCGAACGGGAATTTTGGGAACCTTAATATATCAAAACCG	360
RoLWT	301	ACCGTAATGATAGTATACCGAACGGGAATTTTGGGAACCTTAATATATCAAAACCG	360
RoLm	361	GAAATAGTGTCTGCTCAGAAAGCCATTAATAATATGATGGCATTAAGGGAACGTC	420
RoLWT	361	GAAATAGTGTCTGCTCAGAAAGCCATTAATAATATGATGGCATTAAGGGAACGTC	420
RoLm	421	AATTTATTAAGAGGTGTCTGCTGGAAGAGGAGATGGGCGAAGCCAGTGT	480
RoLWT	421	AATTTATTAAGAGGTGTCTGCTGGAAGAGGAGATGGGCGAAGCCAGTGT	480
RoLm	481	CTAGCACTTTATGGCTGCTATTCGAAACCCATTTGGACGTAGAAATTTAAACCA	540
RoLWT	481	CTAGCACTTTATGGCTGCTATTCGAAACCCATTTGGACGTAGAAATTTAAACCA	540
RoLm	541	AGGAAATTCAGGCAAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGG	600
RoLWT	541	AGGAAATTCAGGCAAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGG	600
RoLm	601	CTGCCAAGGGCTGTCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG	660
RoLWT	601	CTGCCAAGGGCTGTCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG	660
RoLm	661	GACCCCTGCTGCGGCAAGAACATTCCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG	720
RoLWT	661	GACCCCTGCTGCGGCAAGAACATTCCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG	720
RoLm	721	CAACAAGCTTGAATGTTACAACCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG	780
RoLWT	721	CAACAAGCTTGAATGTTACAACCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG	780
RoLm	781	CTGCTGAAGAGATTGGAAGAGATTCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG	840
RoLWT	781	CTGCTGAAGAGATTGGAAGAGATTCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG	840
RoLm	841	ACATATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG	900
RoLWT	841	ACATATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG	900
RoLm	901	TACGACCTGCTCAGATAGAGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGG	960
RoLWT	901	TACGACCTGCTCAGATAGAGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGG	960
RoLm	961	GCCTGCGGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG	1020
RoLWT	961	GCCTGCGGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG	1020
RoLm	1021	GACACCTGCTGCGGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG	1080
RoLWT	1021	GACACCTGCTGCGGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG	1080
RoLm	1081	AGGGTAGGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG	1140
RoLWT	1081	AGGGTAGGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG	1140
RoLm	1141	CTAATAGAGAGAGGAGGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG	1200
RoLWT	1141	CTAATAGAGAGAGGAGGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG	1200
RoLm	1201	AAACAAGGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG	1260
RoLWT	1201	AAACAAGGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG	1260
RoLm	1261	GGATATATGACGACGATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG	1320
RoLWT	1261	GGATATATGACGACGATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG	1320
RoLm	1321	TACAAGGGATATCAAGTACGACGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG	1380
RoLWT	1321	TACAAGGGATATCAAGTACGACGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG	1380
RoLm	1381	ATTAAGATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG	1440
RoLWT	1381	ATTAAGATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG	1440
RoLm	1441	TGATATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG	1500
RoLWT	1441	TGATATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG	1500
RoLm	1501	GACGAGTATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG	1560
RoLWT	1501	GACGAGTATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG	1560
RoLm	1561	AAAGGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG	1620
RoLWT	1561	AAAGGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG	1620
RoLm	1621	TCAACTTAA	1632
RoLWT	1621	TCAACTTAA	1632

18 / 22
F i g . 18

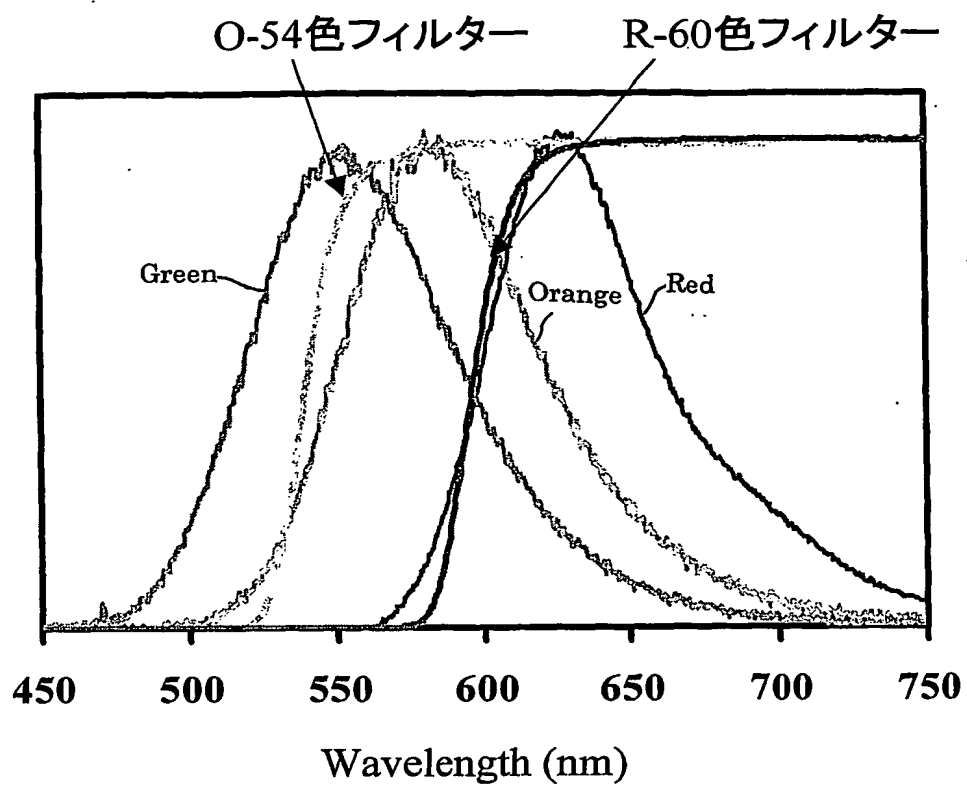


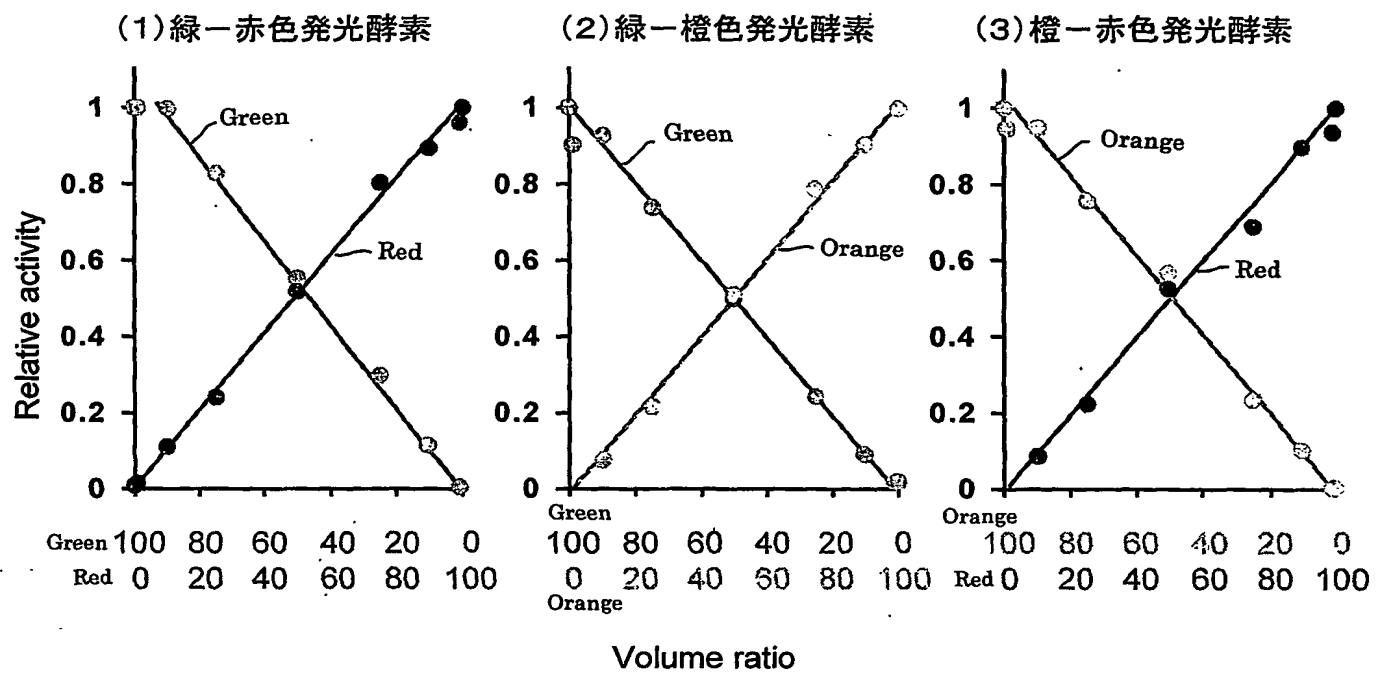
19 / 22
Fig. 19



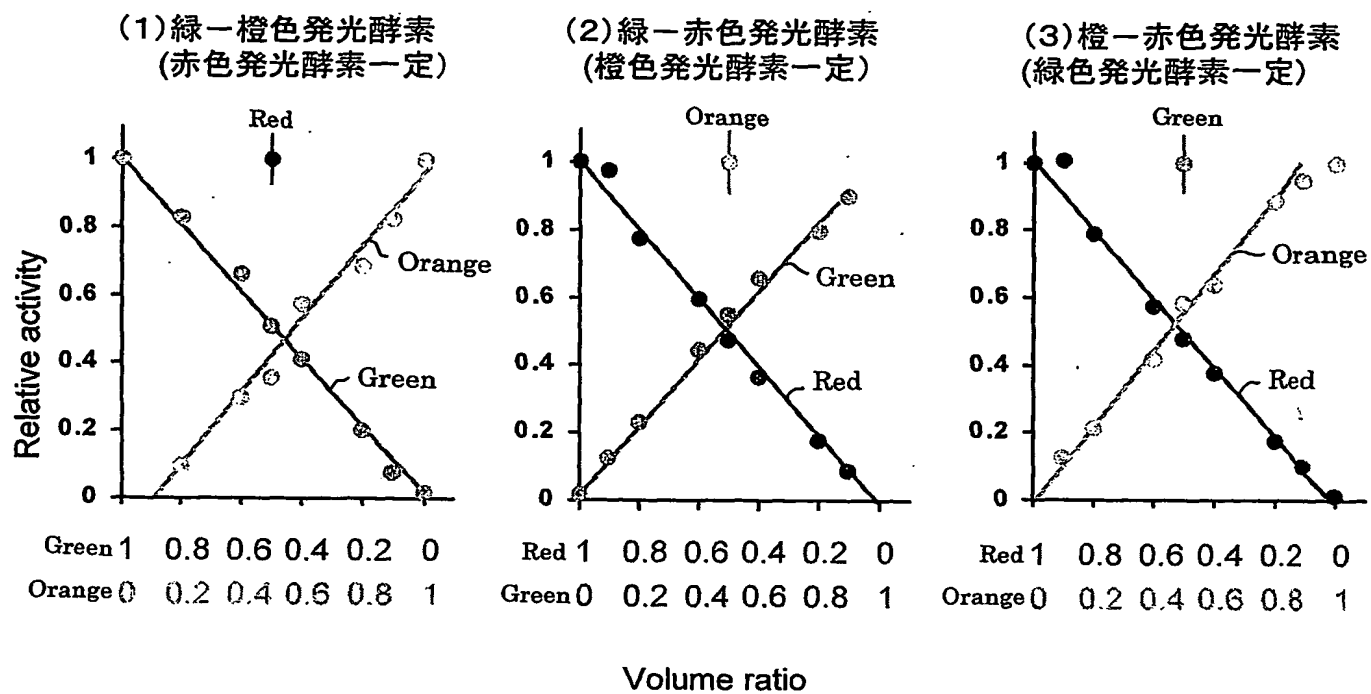
差替え用紙 (規則26)

20/22
Fig. 20



21 / 22
Fig. 21

22 / 22
Fig. 22



1/41
SEQUENCE LISTING

<110> NATIONAL INSTITUTE OF ADVANCED INDUSTRIAL SCIENCE AND TECHNOLOGY

<120> Multi-assay system for gene transcription activity

<130> P04-31

<150> JP2003-127629

<151> 2003-05-06

<150> JP2003-407564

<151> 2003-12-05

<160> 65

<170> PatentIn version 3.1

<210> 1

<211> 1638

<212> DNA

<213> Wild Type Phrixothrix Green Luciferase

<400> 1

atggaagaag aaaacattag gcatggagag cgtcctcgtg atatagtcca tcttggtcgc	60
gcaggacaac aattatacca atcattgtat aaatttgcac cttttcctga agcaataatc	120
gatgctcata caaatgaagt aatatcatat gtcacaaatc ttgaaaccag ctgccgctta	180
gctgttagta tagaacaata tggcttgaat gaaaacaatg ttgtgggtgt atgcagtga	240
aacaatataa acttttttaa tctgtcctt gctgctttat acttaggaat accagtagca	300
acatcaaatg atatgtacac agatggagag ttaactggc atttgaatat atcaaaacca	360
actatcatgt ttagttcaaa gaaagcactc ccgcttattc tgagagtaca gcaaaatcta	420
agtttcatta aaaaagtcgt agttatcgat agcatgtacg acattaatgg cgttgaatgc	480
gtatctacct ttgttgcaag ttatactgac cacaccttg atccattgtc atttacacca	540
aaagattttg atccccttga aaaaatcgca ttaattatgt catcatctgg aacaactgga	600
ttgcctaagg gtgtagtact gagccataga agtctaacta taagatttgt tcatagcagg	660
gatccattt atggcactcg tacggttcca caaacatcaa ttctttcctt agtaccgttc	720
catcatgcct ttggaatgtt tactacatta tcttactttg tagtaggact taaggttgta	780
atgttgaaga aatttgaggg cgcacttttc ttaaaaacca tacagaatta caaaatcccc	840

2/41

```

actattgtag tggccctoc agttatgggtg ttttggcta aaagccatt agtcgatcaa 900
tacgatttat cgagcttaac ggaagttgot actggaggag ctcccttagg aaaagatgtc 960
gcagaagcag tagcaaagag gttgaaatta cctggaatca tacaaggata tggattaact 1020
gaaacttgot gcgctgtaat gattaccct cataatgotg tgaaaacagg ttcaactgga 1080
agacccttgc catacattaa agctaaagtt ttagataacg ctactggga ggcgctagga 1140
ccaggagaaa gaggcgaaat atgctttaaa agtgaaatga ttatgaaagg atattacaac 1200
aatccggaag caactattga tactattgac aaagatgggt ggcttcattc tggagatatt 1260
ggatattacg acgaagatgg aaatttcttt atagttgatc gattgaaaga acttattaaa 1320
tacaagggat atcaggttgc gcctgctgaa ctggaaaato tgcttttaca acatccaagt 1380
attgctgatg cgggtgttac tggagttcgc gacgaatttg ctggacaatt acctgtgct 1440
tgtgttgtgt tagaatctgg caagacgtg actgaaaagg aagttcaaga ttttattgca 1500
gcacaagtca ctccaacaaa gcattcttoga ggcggtgtog tatttgtaga cagtattcgc 1560
aaaggcccta ctgaaaaact catcagaaaag gagctcgcag aaatatttgc ccagcgagca 1620
ccaaaatcaa aattataa 1638

```

<210> 2

<211> 545

<212> PRT

<213> Wild Type Phrixothrix Green Luciferase

<400> 2

```

Met Glu Glu Glu Asn Ile Arg His Gly Glu Arg Pro Arg Asp Ile Val
1           5           10          15

```

```

His Pro Gly Ser Ala Gly Gln Gln Leu Tyr Gln Ser Leu Tyr Lys Phe
          20           25           30

```

```

Ala Ser Phe Pro Glu Ala Ile Ile Asp Ala His Thr Asn Glu Val Ile
          35           40           45

```

```

Ser Tyr Ala Gln Ile Phe Glu Thr Ser Cys Arg Leu Ala Val Ser Ile
          50           55           60

```

3/41

Glu Gln Tyr Gly Leu Asn Glu Asn Asn Val Val Gly Val Cys Ser Glu
65 70 75 80

Asn Asn Ile Asn Phe Phe Asn Pro Val Leu Ala Ala Leu Tyr Leu Gly
85 90 95

Ile Pro Val Ala Thr Ser Asn Asp Met Tyr Thr Asp Gly Glu Leu Thr
100 105 110

Gly His Leu Asn Ile Ser Lys Pro Thr Ile Met Phe Ser Ser Lys Lys
115 120 125

Ala Leu Pro Leu Ile Leu Arg Val Gln Gln Asn Leu Ser Phe Ile Lys
130 135 140

Lys Val Val Val Ile Asp Ser Met Tyr Asp Ile Asn Gly Val Glu Cys
145 150 155 160

Val Ser Thr Phe Val Ala Arg Tyr Thr Asp His Thr Phe Asp Pro Leu
165 170 175

Ser Phe Thr Pro Lys Asp Phe Asp Pro Leu Glu Lys Ile Ala Leu Ile
180 185 190

Met Ser Ser Ser Gly Thr Thr Gly Leu Pro Lys Gly Val Val Leu Ser
195 200 205

His Arg Ser Leu Thr Ile Arg Phe Val His Ser Arg Asp Pro Ile Tyr
210 215 220

Gly Thr Arg Thr Val Pro Gln Thr Ser Ile Leu Ser Leu Val Pro Phe
225 230 235 240

His His Ala Phe Gly Met Phe Thr Thr Leu Ser Tyr Phe Val Val Gly
245 250 255

Leu Lys Val Val Met Leu Lys Lys Phe Glu Gly Ala Leu Phe Leu Lys

4 / 41

260

265

270

Thr Ile Gln Asn Tyr Lys Ile Pro Thr Ile Val Val Ala Pro Pro Val
275 280 285

Met Val Phe Leu Ala Lys Ser Pro Leu Val Asp Gln Tyr Asp Leu Ser
290 295 300

Ser Leu Thr Glu Val Ala Thr Gly Gly Ala Pro Leu Gly Lys Asp Val
305 310 315 320

Ala Glu Ala Val Ala Lys Arg Leu Lys Leu Pro Gly Ile Ile Gln Gly
325 330 335

Tyr Gly Leu Thr Glu Thr Cys Cys Ala Val Met Ile Thr Pro His Asn
340 345 350

Ala Val Lys Thr Gly Ser Thr Gly Arg Pro Leu Pro Tyr Ile Lys Ala
355 360 365

Lys Val Leu Asp Asn Ala Thr Gly Lys Ala Leu Gly Pro Gly Glu Arg
370 375 380

Gly Glu Ile Cys Phe Lys Ser Glu Met Ile Met Lys Gly Tyr Tyr Asn
385 390 395 400

Asn Pro Glu Ala Thr Ile Asp Thr Ile Asp Lys Asp Gly Trp Leu His
405 410 415

Ser Gly Asp Ile Gly Tyr Tyr Asp Glu Asp Gly Asn Phe Phe Ile Val
420 425 430

Asp Arg Leu Lys Glu Leu Ile Lys Tyr Lys Gly Tyr Gln Val Ala Pro
435 440 445

Ala Glu Leu Glu Asn Leu Leu Leu Gln His Pro Ser Ile Ala Asp Ala
450 455 460

5/41

Gly Val Thr Gly Val Pro Asp Glu Phe Ala Gly Gln Leu Pro Ala Ala
 465 470 475 480

Cys Val Val Leu Glu Ser Gly Lys Thr Leu Thr Glu Lys Glu Val Gln
 485 490 495

Asp Phe Ile Ala Ala Gln Val Thr Pro Thr Lys His Leu Arg Gly Gly
 500 505 510

Val Val Phe Val Asp Ser Ile Pro Lys Gly Pro Thr Gly Lys Leu Ile
 515 520 525

Arg Lys Glu Leu Arg Glu Ile Phe Ala Gln Arg Ala Pro Lys Ser Lys
 530 535 540

Leu
 545

<210> 3
 <211> 1641
 <212> DNA
 <213> Wild Type Phrixothrix Red Luciferase

<400> 3
 atggaagaag aaaacattgt gaatggagat cgtcctcgtg atctagtittt tcctggoaca 60
 gcaggactac aattatatca atcattatat aaatattcat atattactga cggaataato 120
 gatgcccata ccaatgaagt aatatcatat gctcaaatat ttgaaaccag ctgccgcttg 180
 gcagttagtc tagaaaaata tggccttgat cataacaatg ttgtggcaat atgcagttaa 240
 aacaacatac acttttttgg cccctttaatt gctgctttat accaaggaat accaatggca 300
 acatcaaag atagtacac agaaaggag atgattggcc atttgaatat atcgaaacca 360
 tgcottatgt tttgttcaaa gaaatcactc ccatttattc tgaaagtaca aaaacatcta 420
 gatttcocta aaaaagtcac agtcattgat agtatgtacg atatcaatgg cgttgaatgc 480
 gtatttagct ttgtttcagc ttatactgat caogcctttg atccagttaa atttaaccca 540
 aaagagtttg atcccttgga aagaaccgca ttaattatga catcatctgg aacaactgga 600
 ttgcctaaag gggtagtaat aagccataga agtataacta taagattcgt ccatagcagt 660

6/41

gatcccatct atggtactcg tattgctcca gatacatcaa ttottgctat agcaccgttc 720
catcatgcct ttggactgtt tactgcacta gcttactttc cagtaggact taagattgta 780
atggtgaaga aatttgaggg cgaattcttc ttaaaaacca tacaaaatta caaaatcgct 840
tctattgtag ttctctctcc aattatggta tatttggcta aaagtcatt agtcgatgaa 900
tacaatttat cgagottaac ggaaattgct tgtggagggt ctcttttagg aagagatata 960
gcagataaag tagcaaagag attgaaagta catggaatcc tacaaggata tggattaacc 1020
gaaacctgca gcgctotaat acttagcccc aatgatogag aacttaaaaa aggtgcaatt 1080
ggaacgccta tgccatatgt tcaagttaaa gttatagata tcaatactgg gaaggcgcta 1140
ggaccaagag aaaaaggcga aatatgcttc aaaagtcaaa tgcttatgaa aggatatcac 1200
aacaatccgc aagcaactcg tgatgctctt gacaaagatg gttggcttca tactggggat 1260
ottggatatt acgacgaaga cagatttata tatgtagttg atcgattgaa agaacttatt 1320
aatataaag gatatacagg tgcgcctgct gaactggaaa atctgctttt acaacatcca 1380
aatatttctg atgcgggtgt tattggaatt ccggacgaat ttgctgggta attaccttcc 1440
gcgtgtgttg tgttagagcc tggtaagaca atgaccgaaa aggaagtcca ggattatatt 1500
gcagagctag tcaactacaac taaacatctt cgaggcgggtg tcgtatttat agatagtatt 1560
ccaaaaggcc caacaggaaa actcatgaga aacgaactcc gtgcaatatt tgcccgggaa 1620
caggcaaaat caaaattata a 1641

<210> 4

<211> 546

<212> PRT

<213> Wild Type Phrixothrix Red Luciferase

<400> 4

Met Glu Glu Glu Asn Ile Val Asn Gly Asp Arg Pro Arg Asp Leu Val
1 5 10 15

Phe Pro Gly Thr Ala Gly Leu Gln Leu Tyr Gln Ser Leu Tyr Lys Tyr
20 25 30

7/41

Ser Tyr Ile Thr Asp Gly Ile Ile Asp Ala His Thr Asn Glu Val Ile
 35 40 45

Ser Tyr Ala Gln Ile Phe Glu Thr Ser Cys Arg Leu Ala Val Ser Leu
 50 55 60

Glu Lys Tyr Gly Leu Asp His Asn Asn Val Val Ala Ile Cys Ser Glu
 65 70 75 80

Asn Asn Ile His Phe Phe Gly Pro Leu Ile Ala Ala Leu Tyr Gln Gly
 85 90 95

Ile Pro Met Ala Thr Ser Asn Asp Met Tyr Thr Glu Arg Glu Met Ile
 100 105 110

Gly His Leu Asn Ile Ser Lys Pro Cys Leu Met Phe Cys Ser Lys Lys
 115 120 125

Ser Leu Pro Phe Ile Leu Lys Val Gln Lys His Leu Asp Phe Leu Lys
 130 135 140

Lys Val Ile Val Ile Asp Ser Met Tyr Asp Ile Asn Gly Val Glu Cys
 145 150 155 160

Val Phe Ser Phe Val Ser Arg Tyr Thr Asp His Ala Phe Asp Pro Val
 165 170 175

Lys Phe Asn Pro Lys Glu Phe Asp Pro Leu Glu Arg Thr Ala Leu Ile
 180 185 190

Met Thr Ser Ser Gly Thr Thr Gly Leu Pro Lys Gly Val Val Ile Ser
 195 200 205

His Arg Ser Ile Thr Ile Arg Phe Val His Ser Ser Asp Pro Ile Tyr
 210 215 220

Gly Thr Arg Ile Ala Pro Asp Thr Ser Ile Leu Ala Ile Ala Pro Phe
 225 230 235 240

8/41

His His Ala Phe Gly Leu Phe Thr Ala Leu Ala Tyr Phe Pro Val Gly
 245 250 255

Leu Lys Ile Val Met Val Lys Lys Phe Glu Gly Glu Phe Phe Leu Lys
 260 265 270

Thr Ile Gln Asn Tyr Lys Ile Ala Ser Ile Val Val Pro Pro Pro Ile
 275 280 285

Met Val Tyr Leu Ala Lys Ser Pro Leu Val Asp Glu Tyr Asn Leu Ser
 290 295 300

Ser Leu Thr Glu Ile Ala Cys Gly Gly Ser Pro Leu Gly Arg Asp Ile
 305 310 315 320

Ala Asp Lys Val Ala Lys Arg Leu Lys Val His Gly Ile Leu Gln Gly
 325 330 335

Tyr Gly Leu Thr Glu Thr Cys Ser Ala Leu Ile Leu Ser Pro Asn Asp
 340 345 350

Arg Glu Leu Lys Lys Gly Ala Ile Gly Thr Pro Met Pro Tyr Val Gln
 355 360 365

Val Lys Val Ile Asp Ile Asn Thr Gly Lys Ala Leu Gly Pro Arg Glu
 370 375 380

Lys Gly Glu Ile Cys Phe Lys Ser Gln Met Leu Met Lys Gly Tyr His
 385 390 395 400

Asn Asn Pro Gln Ala Thr Arg Asp Ala Leu Asp Lys Asp Gly Trp Leu
 405 410 415

His Thr Gly Asp Leu Gly Tyr Tyr Asp Glu Asp Arg Phe Ile Tyr Val
 420 425 430

Val Asp Arg Leu Lys Glu Leu Ile Lys Tyr Lys Gly Tyr Gln Val Ala
 435 440 445

9/41

Pro Ala Glu Leu Glu Asn Leu Leu Leu Gln His Pro Asn Ile Ser Asp
 450 455 460

Ala Gly Val Ile Gly Ile Pro Asp Glu Phe Ala Gly Gln Leu Pro Ser
 465 470 475 480

Ala Cys Val Val Leu Glu Pro Gly Lys Thr Met Thr Glu Lys Glu Val
 485 490 495

Gln Asp Tyr Ile Ala Glu Leu Val Thr Thr Thr Lys His Leu Arg Gly
 500 505 510

Gly Val Val Phe Ile Asp Ser Ile Pro Lys Gly Pro Thr Gly Lys Leu
 515 520 525

Met Arg Asn Glu Leu Arg Ala Ile Phe Ala Arg Glu Gln Ala Lys Ser
 530 535 540

Lys Leu
 545

<210> 5

<211> 1760

<212> DNA

<213> Phrixothrix Red Luciferase of US2002-0119542-A1

<400> 5

gtgacagttt agttcagtag aagatttttt tgagatcaaa atggaagaag aaaacgttgt 60

gaatggagat cgtcctcgtg atctagtttt tcctggcaca gcaggactac aattatatca 120

atcattatat aaatattcat atattactga cggaataato gatgcccata ccaatgaagt 180

aatatcatat gotcaaatat ttgaaaccag ctgcgccttg gcagttagtc tagaaaaata 240

tggottggat cataacaatg ttgtggcaat atgcagtga aacaacatac acttttttgg 300

ccotttaatt gotgctttat accaaggaat accaatggca acatcaaag atgtgtacac 360

agaaagggag atgattggcc atttgaatat atcgaaacca tgcottatgt tttgttcaaa 420

gaaatcactc ccatttattc tgaaagtaca aaaacatcta gatttcctta aaagagtcac 480

10/41

```

agtcattgat agtatgtaog atatcaatgg cgttgaatgc gtatttagct ttgattcacg 540
taatactgat cagccttttg atccagtga aaattaaccca aaagagtttg atcccttgga 600
aagaaccgca ttaattatga catcatotgg aacaactgga ttgcctaaag gggtagtaat 660
aagccataga agtataacta taagattogt ccatagcagt gatcccatct atggactcgc 720
tattgtcca gatacatcaa ttcttgctat agcacggtc catcatgcct ttggactggt 780
tactgcaacta gcttactttc cagtaggact taagattgta atggtaaga aatttgaggg 840
cgaattotc ttaaaaacca tacaaaatta caaaatcgct tctattgtag ttctctctcc 900
aattatggta tatttgcta aaagtcatt agtcgatga tacaattgct cgagctaac 960
ggaaattgct agtggaggct ctcttttagg aagagatata gcagataaag tagcaaagag 1020
attgaaagta catggaatcc tacaaggata tggattaacc gaaacctgca gcgctcta 1080
acttagcccc aatgatcgag aacttaaaaa aggtgcaatt ggaacgcta tgccatatgt 1140
tcaagttaaa gttatagata tcaatactgg gaaggogcta ggaccaagag aaaaaggcga 1200
aatatgcttc aaaagtcaaa tgcttatgaa aggatatcac aacaatccgc aagcaactcg 1260
tgatgctott gacaaagatg gttggottca tactggggat cttggatatt acgaogaaga 1320
cagatttata tatgtagtig atcgattgaa agaacttatt aaatataaag gatatacagg 1380
tgcgctgct gaactggaaa atctgotttt acaacatcca aatatttctg atcggggtgt 1440
tattgaattc cggacgaatt tgctggtaaa ttacotttcc gctgtgttg tgtagagcc 1500
tggtaaagaca atgaccgaaa aggaagtcca ggattatatt gcagagctag tcaactacaac 1560
taaacaatct cgaggcgggtg togtatttat agatagtatt ccaaaaggcc caacaggaaa 1620
actcatgaga aacgaactcc gagcaatatt tgcccgggaa caggcaaaat caaaattata 1680
agctcaatat attgctttag ttataaaatg tatgtaatca aattttagaa cctaatacat 1740
tcattgagag cctaataaaaaa 1760

```

<210> 6

<211> 1641

<212> DNA

<213> Phrixothrix Red Luciferase of W02003/016839

11/41

<400> 6

atggaagaag aaaacgtggt gaatggagat cggcctaggg atotggtggt tcccggcaca	60
gcaggactcc agctgtacca gtcactgtat aagtattcat acatcactga cgggataatc	120
gacgcccata ccaacgaggt catctcatat gtcagatct ttgaaacctc ctgocggctg	180
gcagtgtcac tggagaagta tggcctggat cacaacaatg tgggtggccat ctgtttctgaa	240
aacaacatac actttttcgg ccccttgatt gctgccctgt accaaggcat cccaatggca	300
acatcaaaog acatgtacac agagagggag atgataggcc atotgaacat ctocaagcca	360
tgctgatgt tctgttcaaa gaaatcactg cccttcattc tgaagggtgca gaagcacctg	420
gactttotga aaaaagtcac agtcattgat tccatgtacg atatcaatgg cgtggagtgc	480
gtctttctct ttgtctgag gtacactgat caogccttcg acccagtga gttcaacccc	540
aaagagttag accccctoga aagaaccgcc ctgattatga catcatctgg gacaactgga	600
ctgcctaagg gggctgtgat ctcccacaga tctataacta tcagattcgt ccattcttcc	660
gatcccatct acggcaccag gattgoccca gacacatcaa ttctggctat cgcacccttc	720
catcacgcct ttggactggt tactgcactg gcttacttcc ctgtcggact gaagattgtc	780
atggtgaaga aatttgaggg cgagttcttt ctgaaaacca tacaaaatta caagatcgct	840
tctattgtog tgctctctcc tattatggtc tatctggcta agtccccctt ggtogatgaa	900
tacaatttat cttctctgac cgaaatcgca tgcggaggct ctctcttggg gagagacato	960
gcagataaag tcgccaagag actgaaagt catggaatcc tccagggata tgggctgacc	1020
gagacctgtt cgcctctgat actgtotccc aacgatcggg aactgaaaaa gggggcaato	1080
ggaaccocct tgccatacgt gcaagtgaag gtgatcgaca tcaataccgg gaaggccctg	1140
ggaccaagag agaaaggoga gatctgcttc aagtctcaga tgcctgatgaa ggggtatcac	1200
aacaatcctc aggcactag ggatgctctg gacaaggatg ggtggctgca cactggggac	1260
ctgggatatt acgaogaaga cagatttato tatgtcgttg acaggctgaa agagctgato	1320
aagtataaag ggtatcaggt cgcctctgct gatttggaaa acctgctgtt gcagcaccoc	1380
aatatctctg atgccggcgt gatttgaatt cggacgaat ttgctggtca attaccttcc	1440
gcctgtgtgg tgctggagcc tggcaagaca atgaccgaga aagaagtgca ggactacatt	1500

12/41

gcagagctgg tcaactacaac taaacatctg aggggggggg tcgtctttat agattccatt 1560
 ccaaagggcc caacaggga actgatgaga aacgaactga gggcaatctt tgctcgggaa 1620
 caggcaaaaa tcgtgtgta a 1641

<210> 7

<211> 1641

<212> DNA

<213> Mutant Phrixothrix Red Luciferase of the Invention

<400> 7

atggaagaag agaacatcgt gaatgggat cgccctggg atctgggtt ccctggcaca 60
 gccggcctgc agctgtatca gtccctgtat aaatactctt acatcaccga cggaatcatc 120
 gacgcccaaca ccaacgaggt gatctcctat gccagattt tcgaaacaag ttgccgcctg 180
 gccgtgagcc tggagaagta tggcctggat cacaacaacg tggaggccat ttgcagcgag 240
 aacaacatcc acttcttogg ccctctgac gctgcctat accaggggat tccaatggcc 300
 acatccaacg atatgtacac cgagaggag atgatggcc acctgaacat ctccaagcca 360
 tgtctgatgt tctgttccaa gaagtcctg ccattoatcc tgaagggtga gaagcacctg 420
 gactttctca agaagggtat cgtgatogac agcatgtacg acatcaacgg cgtggagtgc 480
 gtgttcagtt tcgtgtccg gtacaccgat cagcgttcg atccagtga gttcaaccct 540
 aaagagtttg atccctgga gagaaccgog ctgacatga catcctctgg aacaaccgoc 600
 ctgcctaagg gcgtggtgat cagccacagg agcatacca tcagattcgt ccacagcagc 660
 gatcccatct acggcaccog catcgcccca gatacatcca tcctggccat cggcccttcc 720
 caccacgcct tcggactgtt taccgcctg gcttactttc cagtgggcct gaagatcgtg 780
 atggtgaaaa agtttgaggc cgagttcttc ctgaagacca tccagaacta caagatcgtc 840
 tctatcgtgg tgcctcctcc aatcatggtg tatctggcca agagccctct ggtggatgag 900
 tacaatctgt ccagcctgac agagatggc tgtggcggct cccctctggg cagagacatc 960
 gccgacaagg tggccaagag actgaaggtc cagggcatcc tgcagggcta tggcctgacc 1020
 gagacctgta gcgccctgat cctgagcccc aacgatagag agctgaagaa gggcgccatc 1080
 ggcacccta tgccctatgt ccagggtgaag gtgattgaca tcaacaccgg caaagccctg 1140

13/41

ggaccaagag agaagggoga gatttgcttc aagagccaga tgctgatgaa gggctaccac 1200
 aacaacccac aggccaccag ggatgccctg gacaaggacg ggtggctgca caccggogat 1260
 ctgggctact acgacgagga cagattcato tatgtgggtg atcggctgaa agagctcato 1320
 aagtacaagg gctaccaggt ggcccctgcc gagctggaga acttgcttct gcagcacct 1380
 aacatctctg atgccggcgt catcggcato ccagacgagt ttgccggcca gctgccttcc 1440
 gcctgtgtcg tgctggagcc tggcaagacc atgaccgaga aggaggtgca ggattatato 1500
 gccgagctgg tgaccaccac caagcacctg cggggcggcg tgggtttcat cgacagcatt 1560
 ccgaaaggcc caacaggcaa gctgatgaga aacgagotga gggccatctt tgcccgcgag 1620
 caggccaagt ccaagctgta a 1641

<210> 8

<211> 1632

<212> DNA

<213> Wild Type Rhagophthalmus ohbai Green Luciferase

<400> 8

atgcctaag aaatcatttt acatggggcc aaacctogag accggttaga cctgggaact 60
 gcaggaattc aattgtatag ggctttgacg aatttttctt ttttaaggga agccttgato 120
 gacgctcaca ccgaggaagt agtatcttac gcggacattt tggaaaacag ctgtcgatta 180
 gcaaaatgct acgaaaaacta tggattacgc caaaacagcg tcatatoggt gtgcagcgaa 240
 aacagcacga tcttcttota ccccgtaatt gccgctttgt atatgggagt cataacagca 300
 accgtaaatg atagttatac cgaacgggaa ttattggaaa ccttaaataat atcaaaaccg 360
 gaattagtgt tctgctcgaa gaaagccatt aaaaatatga tggcattgaa aaggaacgto 420
 aattttatta aaaaggtagt acttttggat agtaaggaag acatggggoga agcccagtgt 480
 cttagcaact ttatggcacg ctattcggaa cccaatttgg acgtaagaaa ttttaaacca 540
 ogcgattttg atgctaaaga acaagtcgct ttgatcatgt cctcatoggg aacaaccggg 600
 ctgccc aaag gggctgtgtt aaccocatoga aatttaagcg ttgcttctgt aactgcaag 660
 gatcccttat tcggcacaag aactattcca tcaacttoga ttttatotat cgttcccttc 720
 catcatgcgt ttggaatgtt tacaacgttg tcttatttta tagtagggct tagagttgta 780

14/41

ttactgaaaa gattcgaaga gaagtttttc ttaagcacca ttgaaaagta cagaattcca	840
actatcgttc ttgcgccgcc cgtaatggta ttcctagcta agagcccctt agttgatcag	900
taogatttgt ccagtattag agaagtcgct accgggtggcg cacctgttgg aactgaagtg	960
gcagtggccg ttgcgaaacg gttgaaaatt ggcggaatcc ttcagggcta cggattgacc	1020
gaaacgtgtt ggcgcgtatt aattaccctt catgacgaag ttaaaacagg ttctaccggg	1080
agggtagctc cttacgtcca agcgaaaatt gtagatotta ccaccggaaa atctctgggg	1140
ccaaataaaa gaggagagct ttgttttaaa agtgagatca ttatgaaggg ctatttcaac	1200
aataaacaag ctacggaaga agccatcgat aaagaaggat ggttacatto tggagatgtt	1260
gggtattatg acgacgatgg tcatttcttc gtagtcgato gtttaaagga acttatcaag	1320
tacaagggat atcaagtagc accggctgaa ctggagtggg tgcttttgca acatccatct	1380
attaaagatg cgggtgttac tggcgttccc gacgaagctg ctggagaact accaggtgct	1440
tgtatagttc tccaagaagg aaaaagtctt actgaacaag aaattattga ctatatagcc	1500
gaacgagttt cgcgaactaa acgtatacgt ggtggagtgg tcttcgttga tgatattcct	1560
aaaggggcga ctggaaaact ggtcagaagt gaattacgaa aacttcttgc tcagaagaaa	1620
tcgaaactat aa	1632

<210> 9

<211> 1632

<212> DNA

<213> Wild Type Rhagophthalmus ohbai Orange Luciferase

<400> 9

atgcctaag aaatcatttt acatggggcc aaacctcgag acccgtaga cctgggaact	60
gcaggaattc aattgtatag ggctttgacg aatttttcct ttttaaggga agccttgatc	120
gaogotcaca ccgaggaagt agtatcttac gggacattt tggaaaacag ctgtcgatta	180
gcaaaatgct acgaaaacta tggattacgc caaacagcg tcatatcggt gtgcagcgaa	240
aacagcacga totttcttcta cccgtaatt gccgctttgt atatgggagt cataacagca	300
accgtaaag atagttatag cgaacgggaa ttattggaaa ccttaaatat atcaaaaccg	360
gaattagtgt totgctcgaa gaaagccatt aaaaatatga tggcattgaa aaggaacgto	420

15/41

aattttatta aaaagtagt acttttggat agtaaggaag acatgggoga agcccagtg 480
cttagcaact ttatggcacg ctattoggaa cccaatttgg acgtaagaaa ttttaaacca 540
cgcgattttg atgctaaaga acaagtcgct ttgatcatgt cctcatoggg aacaaccogg 600
ctgcccacaaag gggctcgtgtt aaccocatga aatttaagcg ttcgcttogt aactgcaag 660
gatcccttat toggcaatag aactattcca tcaacttcga ttttatctat cgttcccttc 720
catcatgcgt ttggaatgtt tacaacgttg tcttatttta tagtagggct tagagttgta 780
ttactgaaaa gattcgaaga gaagtttttc ttaagcacca ttgaaaagta cagaattcca 840
actatcgttc ttgcgcgcgc cgtaatggta ttcctagcta agagcccctt agttgatcag 900
taogatttgt ccagtattag agaagtcgct accggtggcg cacctgttgg aactgaagtg 960
gcagtggcgc ttgcgaaacg gttgaaaatt ggcggaatcc ttcagggcta cggattgacc 1020
gaaaogtggt gcgcogtatt aattaccct catgacgacg ttaaacagg ttctaccggg 1080
agggtagctc cttacgtcca agcgaaaatt gtagatctta ccaccgaaa atctctgggg 1140
ccaaataaaa gaggagagct ttgttttaaa agtgagatca ttatgaaggg ctatttcaac 1200
aataaacaag ctacggaaga agccatgat aaagaaggat ggttacatto tggagatgtt 1260
gggtattatg acgacgatgg tcatttcttc gtagtcgatc gtttaaagga acttatcaag 1320
tacaagggat atcaagtagc accggctgaa ctggagtggg tgcttttgca acatccatct 1380
attaaagatg ccggtgttac tggcgttccc gacgaagctg ctggagaact accaggtgct 1440
tgtatagttc tccaagaagg aaaaagtott actgaacaag aaattattga ctatatagcc 1500
gaacgagttt cgccaactaa acgtatacgt ggtggagtgg tcttcgttga tgatattcct 1560
aaaggggcga ctggaaaact ggtcagaagt gaattacgaa aacttcttgc tcagaagaaa 1620
tcgaaactat aa 1632

<210> 10

<211> 1632

<212> DNA

<213> Mutant Rhagophthalmus ohbai Green Luciferase of the Invention

<400> 10

atggctaacg agatcatcct gcacggcgcc aagcccaggg accccctgga cctgggcacc 60

16/41

ggcggcattc agctctacag ggccctgacc aacttctcct tcctgaggga ggccctgato 120
 gacgcccaca ccgaggaggt ggtgtcttac gccgacatcc tggagaacag ctgtagactg 180
 gctaagtgtc acgagaacta cggcctgccc cagaacagcg tgatctccgt gtgcagcgag 240
 aatagcacca tcttcttcta ccccgatgac gccgcctgt acatggggtg gatcaccgcc 300
 accgtgaacg acagctacac cgagcgggag ctgctggaga cctgaacat ctccaagccc 360
 gaactgggtg tctgtctcaa gaaggccatc aagaacatga tggccctgaa gaggaacgtg 420
 aacttcatca agaaggtggt gctgtggac agcaaggagg atatgggcca ggcccagtgc 480
 ctgagcaact tcatggcccg gtactccgag cccaacctgg acgtgagaaa cttcaagcca 540
 agggacttog acgccaagga gcaggtggcc cttattatgt cctcctctgg caccaccggc 600
 ctgccaaagg gcgtgggtgt gaccacagg aacotgagcg tgcgttctgt ccactgcaag 660
 gacccctgtg tcggcaccag aaccatcccc tccacctcca tcctgtccat cgtgcccttc 720
 caccacgcct tcggaatgtt cacaacctg tcctacttca tcgtgggcct gagagtgtgt 780
 ctgctgaaga gattcgagga gaagttcttc ctgagacca tcgagaagta cagaatccca 840
 acaatcgtgc tggccctccc tgtgatggtg ttcttggtta agagccccct ggtggaccag 900
 taagacctgt ccagcatcag agaggtggcc accggcggcg cccctgtggg caccgaggtt 960
 gccgtggcgg tggccaagcg gctgaagatc ggccgcatcc tccagggtta cggcctgacc 1020
 gagacctgtc gcgcgtgct gatcaccccc cagacgaag tgaagaccgg ctccaccggc 1080
 agggtagccc cctacgtgca ggctaagatc gtggacctga ccaccggcaa gtccctggga 1140
 cctaacaaga gaggcagct gtgcttcaag agcgagatca tcatgaaggg ctacttcaac 1200
 aacaagcagg ccaccgagga ggcatcgac aaggagggtc ggctgcactc cggcgacgtg 1260
 ggatactacg acgaogatgg acatttcttc gtggtggacc ggctgaaaga gctgatcaag 1320
 tacaagggtc accaggtggc ccccgccgag ctggagtggc tgctgtcca gcacccatcc 1380
 atcaaggatg ccggcgtgac cggcgtgccc gacgaggccg ccggcgagct gcccgcgccc 1440
 tgcacgtgac tccaggaggg caagagcctg accgagcagg agatcatcga ctacatcgcc 1500
 gagcgagtgt ctcccaccaa gcgcacccg ggccgagtcg tcttctgtga cgacatcccc 1560
 aaggcgccca ccggcaagct ggtgagaagc gagctgcgga agctgctggc ccagaagaag 1620

tocaagctgt aa

1632

<210> 11

<211> 1632

<212> DNA

<213> Mutant Rhagophthalmus ohbai Orange Luciferase of the Invention

<400> 11

atggctaacg agatcatcct gcacggcgcc aagoccaggg accccctgga cctgggcacc	60
gccggcattc agctctacag ggccctgacc aacttctcct tcctgaggga ggccctgac	120
gacgccaca ccgaggaggt ggtgtcttac gccgacatcc tggagaacag ctgtagactg	180
gctaagtgt acgagaacta cggcctgccc cagaacagcg tgatctcgt gtgcagcgag	240
aatagcacca tcttcttcta cccctgacg gccgccctgt acatggcggt gatcaccgcc	300
accgtgaacg acagctacac cgagcgggag ctgctggaga cctgaacat ctccaagccc	360
gaactgggtg tctgctccaa gaaggccatc aagaacatga tggccctgaa gaggaacgtg	420
aacttcatca agaagtggt gctgctggac agcaaggagg atatggcgga ggcccagtc	480
ctgagcaact tcatggcccg gtactccgag cccaacctg acgtgagaaa cttcaagcca	540
agggaacttc acgccaagga gcaggtggcc cttattatgt cctcctctgg caccaccggc	600
ctgccaaagg gcgtggtgt gaccacaggg aacctgagcg tgcgttcgt ccactgcaag	660
gacccctgt tggcaacag aacctcccc tccacctcca tcctgtccat cgtgcccttc	720
caccacgctc toggaatgtt cacaacctg tcctacttca togtgggcct gagagtgggtg	780
ctgotgaaga gattcgagga gaagttcttc ctgagcacca tcgagaagta cagaatccca	840
acaatcgtgc tggcccctcc tgtgatggtg ttcttgcta agagccccct ggtggaccag	900
tacgacctgt ccagcatcag agaggtggcc accggcggcg cccctgtggg caccgaggtt	960
gccgtggcgg tggccaagcg gctgaagatc ggccgcatcc tccagggcta cggcctgacc	1020
gagacctgct gcgcctgct gatcaccccc cagcagcagc tgaagaccgg ctccaccggc	1080
agggtagccc cctacgtgca ggctaagatc gtggacctga ccaccggcaa gtccctggga	1140
cctaacaaga gaggcagct gtgcttcaag agcgagatca tcatgaaggg ctacttcaac	1200
aacaagcagg ccaccgagga ggccatcgac aaggagggt ggtgcactc cggcgacgtg	1260

18/41

ggataactacg acgacgatgg acattttcttc gtggtggacc ggotgaaaga gctgatcaag 1320
 tacaagggct accaggtggc ccccgccgag ctggagtggc tgctgctcca gcacccatcc 1380
 atcaaggatg cggcggtgac cggcggtgcc gacgaggccg ccggcgagct gcccggcgcc 1440
 tgcatoctgc tccaggaggg caagagcctg accgagcagg agatcatoga ctacatogcc 1500
 gagcgagtgt ctcccaccaa gcgcattccg ggoggagtgc tottcgtgga cgacatcccc 1560
 aaggcgcca ccggcaagct ggtgagaagc gagctgogga agctgctggc ccagaagaag 1620
 tccaagctgt aa 1632

<210> 12

<211> 543

<212> PRT

<213> Wild Type Rhagophthalmus ohbai Green Luciferase

<400> 12

Met Pro Asn Glu Ile Ile Leu His Gly Ala Lys Pro Arg Asp Pro Leu
 1 5 10 15

Asp Leu Gly Thr Ala Gly Ile Gln Leu Tyr Arg Ala Leu Thr Asn Phe
 20 25 30

Ser Phe Leu Arg Glu Ala Leu Ile Asp Ala His Thr Glu Glu Val Val
 35 40 45

Ser Tyr Ala Asp Ile Leu Glu Asn Ser Cys Arg Leu Ala Lys Cys Tyr
 50 55 60

Glu Asn Tyr Gly Leu Arg Gln Asn Ser Val Ile Ser Val Cys Ser Glu
 65 70 75 80

Asn Ser Thr Ile Phe Phe Tyr Pro Val Ile Ala Ala Leu Tyr Met Gly
 85 90 95

Val Ile Thr Ala Thr Val Asn Asp Ser Tyr Thr Glu Arg Glu Leu Leu
 100 105 110

19/41

Glu Thr Leu Asn Ile Ser Lys Pro Glu Leu Val Phe Cys Ser Lys Lys
 115 120 125

Ala Ile Lys Asn Met Met Ala Leu Lys Arg Asn Val Asn Phe Ile Lys
 130 135 140

Lys Val Val Leu Leu Asp Ser Lys Glu Asp Met Gly Glu Ala Gln Cys
 145 150 155 160

Leu Ser Asn Phe Met Ala Arg Tyr Ser Glu Pro Asn Leu Asp Val Arg
 165 170 175

Asn Phe Lys Pro Arg Asp Phe Asp Ala Lys Glu Gln Val Ala Leu Ile
 180 185 190

Met Ser Ser Ser Gly Thr Thr Gly Leu Pro Lys Gly Val Val Leu Thr
 195 200 205

His Arg Asn Leu Ser Val Arg Phe Val His Cys Lys Asp Pro Leu Phe
 210 215 220

Gly Thr Arg Thr Ile Pro Ser Thr Ser Ile Leu Ser Ile Val Pro Phe
 225 230 235 240

His His Ala Phe Gly Met Phe Thr Thr Leu Ser Tyr Phe Ile Val Gly
 245 250 255

Leu Arg Val Val Leu Leu Lys Arg Phe Glu Glu Lys Phe Phe Leu Ser
 260 265 270

Thr Ile Glu Lys Tyr Arg Ile Pro Thr Ile Val Leu Ala Pro Pro Val
 275 280 285

Met Val Phe Leu Ala Lys Ser Pro Leu Val Asp Gln Tyr Asp Leu Ser
 290 295 300

Ser Ile Arg Glu Val Ala Thr Gly Gly Ala Pro Val Gly Thr Glu Val
 305 310 315 320

20/41

Ala Val Ala Val Ala Lys Arg Leu Lys Ile Gly Gly Ile Leu Gln Gly
325 330 335

Tyr Gly Leu Thr Glu Thr Cys Cys Ala Val Leu Ile Thr Pro His Asp
340 345 350

Asp Val Lys Thr Gly Ser Thr Gly Arg Val Ala Pro Tyr Val Gln Ala
355 360 365

Lys Ile Val Asp Leu Thr Thr Gly Lys Ser Leu Gly Pro Asn Lys Arg
370 375 380

Gly Glu Leu Cys Phe Lys Ser Glu Ile Ile Met Lys Gly Tyr Phe Asn
385 390 395 400

Asn Lys Gln Ala Thr Glu Glu Ala Ile Asp Lys Glu Gly Trp Leu His
405 410 415

Ser Gly Asp Val Gly Tyr Tyr Asp Asp Asp Gly His Phe Phe Val Val
420 425 430

Asp Arg Leu Lys Glu Leu Ile Lys Tyr Lys Gly Tyr Gln Val Ala Pro
435 440 445

Ala Glu Leu Glu Trp Leu Leu Leu Gln His Pro Ser Ile Lys Asp Ala
450 455 460

Gly Val Thr Gly Val Pro Asp Glu Ala Ala Gly Glu Leu Pro Gly Ala
465 470 475 480

Cys Ile Val Leu Gln Glu Gly Lys Ser Leu Thr Glu Gln Glu Ile Ile
485 490 495

Asp Tyr Ile Ala Glu Arg Val Ser Pro Thr Lys Arg Ile Arg Gly Gly
500 505 510

Val Val Phe Val Asp Asp Ile Pro Lys Gly Ala Thr Gly Lys Leu Val
515 520 525

21/41

Arg Ser Glu Leu Arg Lys Leu Leu Ala Gln Lys Lys Ser Lys Leu
 530 535 540

<210> 13

<211> 543

<212> PRT

<213> Wild Type Rhagophthalmus ohbai Orange Luciferase

<400> 13

Met Pro Asn Glu Ile Ile Leu His Gly Ala Lys Pro Arg Asp Pro Leu
 1 5 10 15

Asp Leu Gly Thr Ala Gly Ile Gln Leu Tyr Arg Ala Leu Thr Asn Phe
 20 25 30

Ser Phe Leu Arg Glu Ala Leu Ile Asp Ala His Thr Glu Glu Val Val
 35 40 45

Ser Tyr Ala Asp Ile Leu Glu Asn Ser Cys Arg Leu Ala Lys Cys Tyr
 50 55 60

Glu Asn Tyr Gly Leu Arg Gln Asn Ser Val Ile Ser Val Cys Ser Glu
 65 70 75 80

Asn Ser Thr Ile Phe Phe Tyr Pro Val Ile Ala Ala Leu Tyr Met Gly
 85 90 95

Val Ile Thr Ala Thr Val Asn Asp Ser Tyr Thr Glu Arg Glu Leu Leu
 100 105 110

Glu Thr Leu Asn Ile Ser Lys Pro Glu Leu Val Phe Cys Ser Lys Lys
 115 120 125

Ala Ile Lys Asn Met Met Ala Leu Lys Arg Asn Val Asn Phe Ile Lys
 130 135 140

Lys Val Val Leu Leu Asp Ser Lys Glu Asp Met Gly Glu Ala Gln Cys
 145 150 155 160

22/41

Leu Ser Asn Phe Met Ala Arg Tyr Ser Glu Pro Asn Leu Asp Val Arg
 165 170 175

Asn Phe Lys Pro Arg Asp Phe Asp Ala Lys Glu Gln Val Ala Leu Ile
 180 185 190

Met Ser Ser Ser Gly Thr Thr Gly Leu Pro Lys Gly Val Val Leu Thr
 195 200 205

His Arg Asn Leu Ser Val Arg Phe Val His Cys Lys Asp Pro Leu Phe
 210 215 220

Gly Asn Arg Thr Ile Pro Ser Thr Ser Ile Leu Ser Ile Val Pro Phe
 225 230 235 240

His His Ala Phe Gly Met Phe Thr Thr Leu Ser Tyr Phe Ile Val Gly
 245 250 255

Leu Arg Val Val Leu Leu Lys Arg Phe Glu Glu Lys Phe Phe Leu Ser
 260 265 270

Thr Ile Glu Lys Tyr Arg Ile Pro Thr Ile Val Leu Ala Pro Pro Val
 275 280 285

Met Val Phe Leu Ala Lys Ser Pro Leu Val Asp Gln Tyr Asp Leu Ser
 290 295 300

Ser Ile Arg Glu Val Ala Thr Gly Gly Ala Pro Val Gly Thr Glu Val
 305 310 315 320

Ala Val Ala Val Ala Lys Arg Leu Lys Ile Gly Gly Ile Leu Gln Gly
 325 330 335

Tyr Gly Leu Thr Glu Thr Cys Cys Ala Val Leu Ile Thr Pro His Asp
 340 345 350

Asp Val Lys Thr Gly Ser Thr Gly Arg Val Ala Pro Tyr Val Gln Ala

355 360 23/41 365

Lys Ile Val Asp Leu Thr Thr Gly Lys Ser Leu Gly Pro Asn Lys Arg
370 375 380

Gly Glu Leu Cys Phe Lys Ser Glu Ile Ile Met Lys Gly Tyr Phe Asn
385 390 395 400

Asn Lys Gln Ala Thr Glu Glu Ala Ile Asp Lys Glu Gly Trp Leu His
405 410 415

Ser Gly Asp Val Gly Tyr Tyr Asp Asp Asp Gly His Phe Phe Val Val
420 425 430

Asp Arg Leu Lys Glu Leu Ile Lys Tyr Lys Gly Tyr Gln Val Ala Pro
435 440 445

Ala Glu Leu Glu Trp Leu Leu Leu Gln His Pro Ser Ile Lys Asp Ala
450 455 460

Gly Val Thr Gly Val Pro Asp Glu Ala Ala Gly Glu Leu Pro Gly Ala
465 470 475 480

Cys Ile Val Leu Gln Glu Gly Lys Ser Leu Thr Glu Gln Glu Ile Ile
485 490 495

Asp Tyr Ile Ala Glu Arg Val Ser Pro Thr Lys Arg Ile Arg Gly Gly
500 505 510

Val Val Phe Val Asp Asp Ile Pro Lys Gly Ala Thr Gly Lys Leu Val
515 520 525

Arg Ser Glu Leu Arg Lys Leu Leu Ala Gln Lys Lys Ser Lys Leu
530 535 540

<210> 14

<211> 543

<212> PRT

<213> Mutant Rhagophthalmus ohbai Green Luciferase of the Invention

24/41

<400> 14

Met Ala Asn Glu Ile Ile Leu His Gly Ala Lys Pro Arg Asp Pro Leu
1 5 10 15

Asp Leu Gly Thr Ala Gly Ile Gln Leu Tyr Arg Ala Leu Thr Asn Phe
20 25 30

Ser Phe Leu Arg Glu Ala Leu Ile Asp Ala His Thr Glu Glu Val Val
35 40 45

Ser Tyr Ala Asp Ile Leu Glu Asn Ser Cys Arg Leu Ala Lys Cys Tyr
50 55 60

Glu Asn Tyr Gly Leu Arg Gln Asn Ser Val Ile Ser Val Cys Ser Glu
65 70 75 80

Asn Ser Thr Ile Phe Phe Tyr Pro Val Ile Ala Ala Leu Tyr Met Gly
85 90 95

Val Ile Thr Ala Thr Val Asn Asp Ser Tyr Thr Glu Arg Glu Leu Leu
100 105 110

Glu Thr Leu Asn Ile Ser Lys Pro Glu Leu Val Phe Cys Ser Lys Lys
115 120 125

Ala Ile Lys Asn Met Met Ala Leu Lys Arg Asn Val Asn Phe Ile Lys
130 135 140

Lys Val Val Leu Leu Asp Ser Lys Glu Asp Met Gly Glu Ala Gln Cys
145 150 155 160

Leu Ser Asn Phe Met Ala Arg Tyr Ser Glu Pro Asn Leu Asp Val Arg
165 170 175

Asn Phe Lys Pro Arg Asp Phe Asp Ala Lys Glu Gln Val Ala Leu Ile
180 185 190

25/41

Met Ser Ser Ser Gly Thr Thr Gly Leu Pro Lys Gly Val Val Leu Thr
195 200 205

His Arg Asn Leu Ser Val Arg Phe Val His Cys Lys Asp Pro Leu Phe
210 215 220

Gly Thr Arg Thr Ile Pro Ser Thr Ser Ile Leu Ser Ile Val Pro Phe
225 230 235 240

His His Ala Phe Gly Met Phe Thr Thr Leu Ser Tyr Phe Ile Val Gly
245 250 255

Leu Arg Val Val Leu Leu Lys Arg Phe Glu Glu Lys Phe Phe Leu Ser
260 265 270

Thr Ile Glu Lys Tyr Arg Ile Pro Thr Ile Val Leu Ala Pro Pro Val
275 280 285

Met Val Phe Leu Ala Lys Ser Pro Leu Val Asp Gln Tyr Asp Leu Ser
290 295 300

Ser Ile Arg Glu Val Ala Thr Gly Gly Ala Pro Val Gly Thr Glu Val
305 310 315 320

Ala Val Ala Val Ala Lys Arg Leu Lys Ile Gly Gly Ile Leu Gln Gly
325 330 335

Tyr Gly Leu Thr Glu Thr Cys Cys Ala Val Leu Ile Thr Pro His Asp
340 345 350

Asp Val Lys Thr Gly Ser Thr Gly Arg Val Ala Pro Tyr Val Gln Ala
355 360 365

Lys Ile Val Asp Leu Thr Thr Gly Lys Ser Leu Gly Pro Asn Lys Arg
370 375 380

Gly Glu Leu Cys Phe Lys Ser Glu Ile Ile Met Lys Gly Tyr Phe Asn
385 390 395 400

26/41

Asn Lys Gln Ala Thr Glu Glu Ala Ile Asp Lys Glu Gly Trp Leu His
 405 410 415

Ser Gly Asp Val Gly Tyr Tyr Asp Asp Asp Gly His Phe Phe Val Val
 420 425 430

Asp Arg Leu Lys Glu Leu Ile Lys Tyr Lys Gly Tyr Gln Val Ala Pro
 435 440 445

Ala Glu Leu Glu Trp Leu Leu Leu Gln His Pro Ser Ile Lys Asp Ala
 450 455 460

Gly Val Thr Gly Val Pro Asp Glu Ala Ala Gly Glu Leu Pro Gly Ala
 465 470 475 480

Cys Ile Val Leu Gln Glu Gly Lys Ser Leu Thr Glu Gln Glu Ile Ile
 485 490 495

Asp Tyr Ile Ala Glu Arg Val Ser Pro Thr Lys Arg Ile Arg Gly Gly
 500 505 510

Val Val Phe Val Asp Asp Ile Pro Lys Gly Ala Thr Gly Lys Leu Val
 515 520 525

Arg Ser Glu Leu Arg Lys Leu Leu Ala Gln Lys Lys Ser Lys Leu
 530 535 540

<210> 15

<211> 543

<212> PRT

<213> Mutant Rhagophthalmus ohbai Orange Luciferase of the Invention

<400> 15

Met Ala Asn Glu Ile Ile Leu His Gly Ala Lys Pro Arg Asp Pro Leu
 1 5 10 15

Asp Leu Gly Thr Ala Gly Ile Gln Leu Tyr Arg Ala Leu Thr Asn Phe
 20 25 30

27/41

Ser Phe Leu Arg Glu Ala Leu Ile Asp Ala His Thr Glu Glu Val Val
 35 40 45

Ser Tyr Ala Asp Ile Leu Glu Asn Ser Cys Arg Leu Ala Lys Cys Tyr
 50 55 60

Glu Asn Tyr Gly Leu Arg Gln Asn Ser Val Ile Ser Val Cys Ser Glu
 65 70 75 80

Asn Ser Thr Ile Phe Phe Tyr Pro Val Ile Ala Ala Leu Tyr Met Gly
 85 90 95

Val Ile Thr Ala Thr Val Asn Asp Ser Tyr Thr Glu Arg Glu Leu Leu
 100 105 110

Glu Thr Leu Asn Ile Ser Lys Pro Glu Leu Val Phe Cys Ser Lys Lys
 115 120 125

Ala Ile Lys Asn Met Met Ala Leu Lys Arg Asn Val Asn Phe Ile Lys
 130 135 140

Lys Val Val Leu Leu Asp Ser Lys Glu Asp Met Gly Glu Ala Gln Cys
 145 150 155 160

Leu Ser Asn Phe Met Ala Arg Tyr Ser Glu Pro Asn Leu Asp Val Arg
 165 170 175

Asn Phe Lys Pro Arg Asp Phe Asp Ala Lys Glu Gln Val Ala Leu Ile
 180 185 190

Met Ser Ser Ser Gly Thr Thr Gly Leu Pro Lys Gly Val Val Leu Thr
 195 200 205

His Arg Asn Leu Ser Val Arg Phe Val His Cys Lys Asp Pro Leu Phe
 210 215 220

Gly Asn Arg Thr Ile Pro Ser Thr Ser Ile Leu Ser Ile Val Pro Phe
 225 230 235 240

28/41

His His Ala Phe Gly Met Phe Thr Thr Leu Ser Tyr Phe Ile Val Gly
245 250 255

Leu Arg Val Val Leu Leu Lys Arg Phe Glu Glu Lys Phe Phe Leu Ser
260 265 270

Thr Ile Glu Lys Tyr Arg Ile Pro Thr Ile Val Leu Ala Pro Pro Val
275 280 285

Met Val Phe Leu Ala Lys Ser Pro Leu Val Asp Gln Tyr Asp Leu Ser
290 295 300

Ser Ile Arg Glu Val Ala Thr Gly Gly Ala Pro Val Gly Thr Glu Val
305 310 315 320

Ala Val Ala Val Ala Lys Arg Leu Lys Ile Gly Gly Ile Leu Gln Gly
325 330 335

Tyr Gly Leu Thr Glu Thr Cys Cys Ala Val Leu Ile Thr Pro His Asp
340 345 350

Asp Val Lys Thr Gly Ser Thr Gly Arg Val Ala Pro Tyr Val Gln Ala
355 360 365

Lys Ile Val Asp Leu Thr Thr Gly Lys Ser Leu Gly Pro Asn Lys Arg
370 375 380

Gly Glu Leu Cys Phe Lys Ser Glu Ile Ile Met Lys Gly Tyr Phe Asn
385 390 395 400

Asn Lys Gln Ala Thr Glu Glu Ala Ile Asp Lys Glu Gly Trp Leu His
405 410 415

Ser Gly Asp Val Gly Tyr Tyr Asp Asp Asp Gly His Phe Phe Val Val
420 425 430

Asp Arg Leu Lys Glu Leu Ile Lys Tyr Lys Gly Tyr Gln Val Ala Pro

29/41

435

440

445

Ala Glu Leu Glu Trp Leu Leu Leu Gln His Pro Ser Ile Lys Asp Ala
 450 455 460

Gly Val Thr Gly Val Pro Asp Glu Ala Ala Gly Glu Leu Pro Gly Ala
 465 470 475 480

Cys Ile Val Leu Gln Glu Gly Lys Ser Leu Thr Glu Gln Glu Ile Ile
 485 490 495

Asp Tyr Ile Ala Glu Arg Val Ser Pro Thr Lys Arg Ile Arg Gly Gly
 500 505 510

Val Val Phe Val Asp Asp Ile Pro Lys Gly Ala Thr Gly Lys Leu Val
 515 520 525

Arg Ser Glu Leu Arg Lys Leu Leu Ala Gln Lys Lys Ser Lys Leu
 530 535 540

<210> 16
 <211> 1638
 <212> DNA
 <213> Mutant Phrixothrix Green Luciferase

<400> 16
 atggaagaag agaacatcag gcacggcgag cgccctcggg acatcgtcca ccctggctcc 60
 gccggccagc agctgtacca gtccctgtac aagttcgctt ccttccctga ggccatcatc 120
 gacgccacac ccaacgaggt gatctcctac gccagattt tcgaaaccag ctgccgcctg 180
 gccgtgagca tcgagcagta cggcctgaac gagaacaacg tggtaggggt ctgtagogag 240
 aacaacatca acttcttcaa ccctgtgtgt gccgccctgt acctcggaat ccagtgggcc 300
 acctccaacg atatgtacac cgatggcgag ctgaccggcc acctgaacat ctccaagcca 360
 accatcatgt tcagctccaa gaaggccctg cccctgatcc tgagagtga gcagaacctg 420
 agcttcatca agaaggtggt ggtgatogac agcatgtacg acatcaacgg cgtggagtgc 480
 gtgtctacct tcgttgcccg gtacaccgac cacaccttgc acccactgtc ctccacccca 540

30/41

aaggacttgc acccctgga gaagatgcc ctgatcatgt catcctcgg caccaccgga	600
ctgcctaagg gcgtggtgct gagccacaga agcctgacca tcagattcgt ccacagcagg	660
gaccccatct acggcaccgg cacogtgccc cagacctcca tcctgtccct ggtgccattt	720
caccacgcct tcggcatgtt caccaccotg tcctacttcg tgggtgggct gaaggtggtg	780
atgtcgaaga agttcgaggg cgcctcttc ctgaagacca tccagaacta caagatccct	840
acaatcgtgg tggccctcc agtgatggtg ttctggcta agagccact ggtggatcag	900
tacgatctgt ccagcctaac cgaggtggct accggcggcg ctctctggg caaggatgtg	960
gccgaggctg tggccaagag attgaagctg cctggcatca tccagggcta cggcctgacc	1020
gagacctgct gcgctgtgat gatcaccct cacaacgtg tgaagaccgg ctccaccggc	1080
agaccctgc catacatcaa ggctaagggtg ctggataacg ctaccggcaa agcctggga	1140
ccaggcgaga gaggcgagat ttgcttaag agcgagatga tcatgaaggg ctactacaac	1200
aacctgagg ccaccatoga caccatogac aaggatggct ggctgcactc tggcgacatc	1260
ggctactacg acgaggatgg caactcttc atcgtggatc ggctgaaaga gctgatcaag	1320
tacaagggt accaggtggc cctgtgtgag ctggagaact tgcttotgca gcaccaagc	1380
atcgtgatg ccggcgtgac cggcgtgccc gacgagttc ctggccagct gcctgtgtgt	1440
tgtgtcgtgc tggagtctgg caagacattg accgagaagg aggtgcaaga ttcatogcc	1500
goccaggatga cccaactaa gcacctgogg ggccgctgg tgttcgtgga cagcatcct	1560
aaaggcccta ccggcaagct gatcagaaag gagctgogg agattttgc ccagagagcc	1620
ccaaagtcca agctgtaa	1638

<210> 17

<211> 75

<212> DNA

<213> Phrixothrix Red Luciferase

<400> 17

cagcaggact acaattatat caatcattat ataaatatc ttatattact gacggaataa 60

togatgccca tacca 75

<210> 18

31/41

<211> 71

<212> DNA

<213> Phrixothrix Red Luciferase

<400> 18

gcaggactac aattatatca atcattatat aaatactcgt atattactga cggaataatc 60

gatgcccata c 71

<210> 19

<211> 77

<212> DNA

<213> Phrixothrix Red Luciferase

<400> 19

caatgaagta atatcatatg ctcaaatatt tgaaacaagt tgccgcttgg cagttagttc 60

agaaaaatat ggcttgg 77

<210> 20

<211> 75

<212> DNA

<213> Phrixothrix Red Luciferase

<400> 20

aatatttgaa accagctgcc gcttggcagt tagtctagag aaatatggct tggatcataa 60

caatgttgtg gcaat 75

<210> 21

<211> 77

<212> DNA

<213> Phrixothrix Red Luciferase

<400> 21

gaaaacaaca tacacttttt tggcccttta attgctgccc tataccaagg aataccaatg 60

goaacatcaa atgatat 77

<210> 22

<211> 73

<212> DNA

<213> Phrixothrix Red Luciferase

<400> 22

acttttttgg ccccttaatt gotgctttat accaagggat accaatggca acatcaaag 60

32/41

atatgtacac aga

73

<210> 23

<211> 71

<212> DNA

<213> Phrixothrix Red Luciferase

<400> 23

catcaaatga tatgtacaca gaaagggaga tgatcggcca tttgaatata tcgaaaccat 60

gccttatgtt t

71

<210> 24

<211> 77

<212> DNA

<213> Phrixothrix Red Luciferase

<400> 24

tttattctga aagtacaaaa acatctagat ttctcaaaa aagtcatagt cattgatagt 60

atgtacgata tcaatgg

77

<210> 25

<211> 77

<212> DNA

<213> Phrixothrix Red Luciferase

<400> 25

atgtacgata tcaatggcgt tgaatgcgta tttagttttg ttccacgta tactgatcac 60

gcctttgatc cagtgaa

77

<210> 26

<211> 75

<212> DNA

<213> Phrixothrix Red Luciferase

<400> 26

atatcaatgg cgttgaatgc gtatttagct ttgtttcag gtatactgat caagcctttg 60

atccagtgaa attta

75

<210> 27

<211> 77

<212> DNA

<213> Phrixothrix Red Luciferase

33/41

<400> 27
gtatttagct ttgtttcagc ttatactgat cacgcgttcg atccagtga atttaacca 60
aaagagtttg atccctt 77

<210> 28
<211> 77
<212> DNA
<213> Phrixothrix Red Luciferase

<400> 28
tttaacccaa aagagtttga tcccttggaa agaaccgogc taattatgac atcatctgga 60
acaactggat tgcctaa 77

<210> 29
<211> 81
<212> DNA
<213> Phrixothrix Red Luciferase

<400> 29
gaaccgcatt aattatgaca tcatctggaa caactggcct gcctaaagg gtagtaataa 60
gccatagaag tataactata a 81

<210> 30
<211> 73
<212> DNA
<213> Phrixothrix Red Luciferase

<400> 30
ctggattgcc taaaggggta gtaataagcc ataggagtat aactataaga ttctgcata 60
gcagtgatcc cat 73

<210> 31
<211> 77
<212> DNA
<213> Phrixothrix Red Luciferase

<400> 31
aagaaatttg agggcgaatt cttottaaaa accatocaaa attacaaaat cgtttotatt 60
gtagttcttc ctccaat 77

34/41

<210> 32
<211> 71
<212> DNA
<213> Phrixothrix Red Luciferase

<400> 32
agggcgaatt ottcttaaaa accatacaaa actacaaaat ogcttctatt gtagttcctc 60
ctccaattat g 71

<210> 33
<211> 77
<212> DNA
<213> Phrixothrix Red Luciferase

<400> 33
gttcctcctc caattatggt atatttggt aaaagtcctc tagtcgatga atacaattta 60
togagcttaa oggaaat 77

<210> 34
<211> 73
<212> DNA
<213> Phrixothrix Red Luciferase

<400> 34
tttggctaaa agtcattag tcgatgaata caatctgtcg agcttaacgg aaattgcttg 60
tggagggtct cct 73

<210> 35
<211> 73
<212> DNA
<213> Phrixothrix Red Luciferase

<400> 35
ggaaattgct tgtggagggt ctcttttagg aagagacatc gcagataaag tagcaaagag 60
attgaaagta cat 73

<210> 36
<211> 77
<212> DNA
<213> Phrixothrix Red Luciferase

<400> 36
gggtctcctt taggaagaga tatgcagat aaagtagcca agagattgaa agtacatgga 60

35/41

atcctacaag gatatgg

77

<210> 37

<211> 73

<212> DNA

<213> Phrixothrix Red Luciferase

<400> 37

ggatatggat taaccgaaac ctgcagcgct ctaatactga gcccgaatga tcgagaactt 60

aaaaaagggtg caa

73

<210> 38

<211> 77

<212> DNA

<213> Phrixothrix Red Luciferase

<400> 38

ccgaaacotg cagcgctota atacttagcc ccaacgatag agaacttaaa aaagggtgcaa 60

ttggaacgcc tatgcca

77

<210> 39

<211> 81

<212> DNA

<213> Phrixothrix Red Luciferase

<400> 39

ctaatactta gcccgaatga tcgagaactt aaaaagggtg caattggaac gcctatgcca 60

tatgttcaag ttaaagttat a

81

<210> 40

<211> 73

<212> DNA

<213> Phrixothrix Red Luciferase

<400> 40

tggaaggcg ctaggaccaa gagaaaaagg cgagatttgc ttcaaaagtc aaatgcttat 60

gaaaggatat cac

73

<210> 41

<211> 77

<212> DNA

36/41

<213> Phrixothrix Red Luciferase

<400> 41

aaaaggcgaa atatgcttca aaagtcaa at gcttatgaag ggctatcaca acaatccgca 60

agcaactcgt gatgctc 77

<210> 42

<211> 75

<212> DNA

<213> Phrixothrix Red Luciferase

<400> 42

tccgcaagca actcgtgatg ctcttgacaa agatgggtgg cttcatactg gggatcttgg 60

atattacgac gaaga 75

<210> 43

<211> 73

<212> DNA

<213> Phrixothrix Red Luciferase

<400> 43

gacagattta totatgtagt tgatcgattg aaagagctta tttaatataa aggatatcag 60

gttgcgcctg ctg 73

<210> 44

<211> 77

<212> DNA

<213> Phrixothrix Red Luciferase

<400> 44

atttatctat gtagttgatc gattgaaaga actcatcaaa tataaaggat atcaggttgc 60

gcctgctgaa ctggaaa 77

<210> 45

<211> 75

<212> DNA

<213> Phrixothrix Red Luciferase

<400> 45

cgctgctga actggaaa at ctgcttttac aacacccaaa tatttctgat gcgggtgtta 60

ttggaattcc ggacg 75

37/41

<210> 46
<211> 77
<212> DNA
<213> Phrixothrix Red Luciferase

<400> 46
ctgaactgga aaatctgctt ttacaacatc ctaatatttc tgatgogggt gttattggaa 60
ttcgggacga atttgct 77

<210> 47
<211> 75
<212> DNA
<213> Phrixothrix Red Luciferase

<400> 47
ttacaacatc caaatatttc tgatgogggt gtcattggaa ttcgggacga atttgctggt 60
caattacctt ccgog 75

<210> 48
<211> 77
<212> DNA
<213> Phrixothrix Red Luciferase

<400> 48
tgogggtggt attggaattc oggaogaatt tgctggtcag ttaccttcog cgtgtgttgt 60
gtagagcct ggtaaga 77

<210> 49
<211> 73
<212> DNA
<213> Phrixothrix Red Luciferase

<400> 49
aactaaacat cttcgaggcg gtgttgtatt tatcgacagt attccaaaag gccaacagg 60
aaaactcatg aga 73

<210> 50
<211> 48
<212> DNA
<213> Phrixothrix Red Luciferase

<400> 50

38/41

gaactccgtg caatatttgc ccgggaacag gcaaaatcaa aactataa 48

<210> 51

<211> 77

<212> DNA

<213> Rhagophthalmus ohbai Green Luciferase

<400> 51

cccagggacc ccctggacct gggcaccgcc ggcatcagc tctacagagc cctgaccaac 60

ttctccttcc tgaggga 77

<210> 52

<211> 77

<212> DNA

<213> Rhagophthalmus ohbai Green Luciferase

<400> 52

cctgggcacc gccggcatcc agctgtacag ggccctgacc aacttctcct 'tctgaggga 60

ggccctgatc gacgcc 77

<210> 53

<211> 79

<212> DNA

<213> Rhagophthalmus ohbai Green Luciferase

<400> 53

gtggtgtctt acgccgacat cctggagaac agctgtagac tggctaagtg ctacgagaac 60

tacggcctgc gccagaaca 79

<210> 54

<211> 79

<212> DNA

<213> Rhagophthalmus ohbai Green Luciferase

<400> 54

gcgccagaac agcgtgatct ccgtgtgcag cgagaatagc accatcttct totacccgt 60

gatcgccgcc ctgtacatg 79

<210> 55

<211> 81

<212> DNA

<213> Rhagophthalmus ohbai Green Luciferase

39/41

<400> 55
tcaagaaggt ggtgotgotg gacagcaagg aggatatggg cgaggcccag tgcctgagca 60
acttcatggc ccggtactcc g 81

<210> 56
<211> 81
<212> DNA
<213> Rhagophthalmus ohbai Green Luciferase

<400> 56
tcaagccaag ggacttcgac gccaaaggagc aggtggccct tattatgtcc tcctctggca 60
ccaccggcct gccaaagggc g 81

<210> 57
<211> 75
<212> DNA
<213> Rhagophthalmus ohbai Green Luciferase

<400> 57
atcgagaagt acagaatccc aacaatogtg ctggcccctc ctgtgatggt gttcctggcc 60
aagagccccc tgggtg 75

<210> 58
<211> 79
<212> DNA
<213> Rhagophthalmus ohbai Green Luciferase

<400> 58
atcccaacaa tcgtgtggtg cccccogtg atggtgttcc tggctaagag cccctggtg 60
gaccagtaag acctgtcca 79

<210> 59
<211> 75
<212> DNA
<213> Rhagophthalmus ohbai Green Luciferase

<400> 59
gagaggtggc caccgggggc gccctgtgg gcacagaggt tgcogtggcc gtggccaago 60
ggctgaagat cggcg 75

40/41

<210> 60

<211> 75

<212> DNA

<213> Rhagophthalmus ohbai Green Luciferase

<400> 60

gccatcgaca aggagggctg gctgcactcc ggcgacgtgg gatactaaga cgacgatggc 60

cacttcttctg tgggtg 75

<210> 61

<211> 73

<212> DNA

<213> Rhagophthalmus ohbai Green Luciferase

<400> 61

ctccggcgac gtgggctact acgacgacga tggacatttc ttctgtgtgg accggctgaa 60

ggagctgata aag 73

<210> 62

<211> 81

<212> DNA

<213> Rhagophthalmus ohbai Green Luciferase

<400> 62

cgacgatggc cacttcttctg tgggtggaccg gctgaaagag ctgatcaagt acaagggcta 60

ccaggtggcc ccgcccgago t 81

<210> 63

<211> 71

<212> DNA

<213> Rhagophthalmus ohbai Green Luciferase

<400> 63

agtggctgct gctccagcac ccatccatca aggatgcggc cgtgacggc gtgcccagcg 60

aggccgcggc c 71

<210> 64

<211> 75

<212> DNA

<213> Rhagophthalmus ohbai Green Luciferase

<400> 64

ccgagcagga gatcatcgac tacatcgccg agcgagtgtc tcccaccaag cgcacccggg 60

41/41

gcggcgtcgt ottcg

75

<210> 65

<211> 71

<212> DNA

<213> Rhagophthalmus ohbai Green Luciferase

<400> 65

gagcgggtgt cccccacaa gcgcattcgg ggaggagtcg ttttcgtgga cgacatcccc 60

aagggcgcca c

71

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/JP2004/006362

A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER

Int.Cl⁷ C12N15/85, 15/53, 9/02, 5/06, C12Q1/02, G01N33/15, 33/48, 33/483, 33/50

According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC

B. FIELDS SEARCHED

Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols)

Int.Cl⁷ C12N15/85, 15/53, 9/02, 5/06, C12Q1/02, G01N33/15, 33/48, 33/483, 33/50

Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched

Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practicable, search terms used)
MEDLINE (STN), BIOSIS (STN), WPIDS (STN), CAS (STN), JICST FILE (JOIS),
SwissProt/PIR/GeneSeq Genbank/EMBL/DDBJ/GeneSeq

C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category*	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X Y	WO 2003/16839 A2 (XENOGEN CORP.), 27 February, 2003 (27.02.03), Claims; pages 7 to 8, 20 to 28; Figs. 1 to 3 & US 2003/0135871 A1	1-7,9 1-4,7,9, 10-14,22,23, 25,26
X	US 2002/119542 A1 (Vadim R. Viviani), 29 August, 2002 (29.08.02), Abstract; Fig. 2 (Family: none)	5
Y	VIVIANI V.R. et al., "Cloning, sequence analysis, and expression of active Phrixothrix railroad-worms luciferases: relationship between bioluminescence spectra and primary structures", Biochemistry, 1999, Vol.38, No.26, pages 8271 to 8279	1-4,7,9, 10-14,22,23, 25,26



Further documents are listed in the continuation of Box C.



See patent family annex.

* Special categories of cited documents:

"A" document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance

"E" earlier application or patent but published on or after the international filing date

"L" document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)

"O" document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means

"P" document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed

"T" later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention

"X" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone

"Y" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art

"&" document member of the same patent family

Date of the actual completion of the international search
09 August, 2004 (09.08.04)

Date of mailing of the international search report
24 August, 2004 (24.08.04)

Name and mailing address of the ISA/
Japanese Patent Office

Authorized officer

Facsimile No.

Telephone No.

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/JP2004/006362

C (Continuation). DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category*	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
Y	Katsuhiko OMIYA et al., "Comparative aspects of a luciferase molecule from the Japanese luminous beetle, <i>Rhagophthalmus ohbai</i> ", Yokosuka-shi Hakukenho (Shizen) Sci.Rept. Yokosuka City Mus., 2000, No.47, pages 31 to 38	1-4, 7, 9, 10-14, 22, 23, 25, 26
Y	VIVIANI V. et al., "Thr226 is a key residue for bioluminescence spectra determination in beetle luciferases.", Biochem Biophys Res Commun., 2001, Vol.280, No.5, pages 1286 to 1291	1-4, 7, 9, 10-14, 22, 23, 25, 26
Y	SUMIYA M. et al., "Cloning and expression of a luciferase from the Japanese luminous beetle <i>Rhagophthalmus ohbai</i> .", Biolumin. Chemilumin., Proc.Int.Symp., 1999, pages 433 to 436	1-4, 7, 9, 10-14, 22, 23, 25, 26
Y	JP 2002-542791 A (K.R. Leuven Research & Development), 17 December, 2002 (17.12.02), Claims; Par. Nos. [0019], [0034] & WO 2000/065076 A2 & EP 1183381 A2	10
Y	GRENTZMANN G. et al., "A dual-luciferase reporter system for studying recoding signals.", RNA, 1998, Vol.4, No.4, pages 479 to 486	11-14, 22, 23, 25, 26
A	WO 97/24490 A1 (Tropix, Inc.), 10 July, 1997 (10.07.97), & US 66032657 B1 & EP 874913 A1 & JP 2000-513563 A	8, 11-27
P, X	Katsuhiko OMIYA, "Hakko Kochu no Seibutsu Hakko Kiko no Kiso to Oyo -Seibutsu Hakko ni yotte Saibo Joho o Saguru-", Seikagaku, The Japanese Biochemical Society Tokyo, 25 January, 2004 (25.01.04), Vol.76, No.1, pages 5 to 15	1-27
P, A	NIEUWENHUIJSEN BW, "A dual luciferase multiplexed high-throughput screening platform for protein-protein interactions.", J.Biomol.Screen., 2003 December, Vol.8, No.6, pages 676-684	8, 11-27

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/JP2004/006362

Box No. II Observations where certain claims were found unsearchable (Continuation of item 2 of first sheet)

This international search report has not been established in respect of certain claims under Article 17(2)(a) for the following reasons:

1. ☐ Claims Nos.:
because they relate to subject matter not required to be searched by this Authority, namely:
2. ☐ Claims Nos.:
because they relate to parts of the international application that do not comply with the prescribed requirements to such an extent that no meaningful international search can be carried out, specifically:
3. ☐ Claims Nos.:
because they are dependent claims and are not drafted in accordance with the second and third sentences of Rule 6.4(a).

Box No. III Observations where unity of invention is lacking (Continuation of item 3 of first sheet)

This International Searching Authority found multiple inventions in this international application, as follows:

The matter common to claims 1-27 is "a photoprotein capable of emitting light whose emission wavelength is substantially not dependent upon determination conditions". However, search has revealed that this common matter is not novel because the reference (WO 2003/16839 A2 (XENOGEN CORPORATION) 2003.02.27) discloses red photoprotein derived from railroad worm, having realized stable expression in mammiferous cells (the photoprotein comprehended in the "photoproteins capable of emitting light whose emission wavelength is substantially not dependent upon determination conditions").

Consequently, this common matter falls within the category of prior art and (continued to extra sheet)

1. ☐ As all required additional search fees were timely paid by the applicant, this international search report covers all searchable claims.
2. ☒ As all searchable claims could be searched without effort justifying an additional fee, this Authority did not invite payment of any additional fee.
3. ☐ As only some of the required additional search fees were timely paid by the applicant, this international search report covers only those claims for which fees were paid, specifically claims Nos.:
4. ☐ No required additional search fees were timely paid by the applicant. Consequently, this international search report is restricted to the invention first mentioned in the claims; it is covered by claims Nos.:

Remark on Protest

- ☐ The additional search fees were accompanied by the applicant's protest.
- ☐ No protest accompanied the payment of additional search fees.

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/JP2004/006362

Continuation of Box No.III of continuation of first sheet(2)

hence cannot be "special technical features".

Therefore, the inventions claimed in claims 1-27 are to be classified into four invention groups, namely, the group whose special technical feature resides in "green photoprotein derived from railroad worm, having realized stable expression in mammiferous cells", the group whose special technical feature resides in "green photoprotein derived from Rhagophthalmus ohbai, having realized stable expression in mammiferous cells", the group whose special technical feature resides in "luteofulvous photoprotein derived from Rhagophthalmus ohbai, having realized stable expression in mammiferous cells" and the group whose special technical feature resides in "attaining stable expression of two or more photoprotein genes in mammiferous cells".

A. 発明の属する分野の分類 (国際特許分類 (IPC))		
I n t. Cl' C12N15/85, 15/53, 9/02, 5/06, C12Q1/02, G01N33/15, 33/48, 33/483, 33/50		
B. 調査を行った分野		
調査を行った最小限資料 (国際特許分類 (IPC))		
I n t. Cl' C12N15/85, 15/53, 9/02, 5/06, C12Q1/02, G01N33/15, 33/48, 33/483, 33/50		
最小限資料以外の資料で調査を行った分野に含まれるもの		
国際調査で使用した電子データベース (データベースの名称、調査に使用した用語) MEDLINE (STN) BIOSIS (STN) WPIDS (STN) CAS (STN) JICSTファイル (JOIS) SwissProt/PIR/GeneSeq Genbank/EMBL/DDBJ/GeneSeq		
C. 関連すると認められる文献		
引用文献の カテゴリー*	引用文献名 及び一部の箇所が関連するときは、その関連する箇所の表示	関連する 請求の範囲の番号
X	WO 2003/16839 A2 (XENOGEN CORPORATION) 2003. 02. 27, Claims	1-7, 9
Y	, p. 7-8, 20-28, Fig. 1-3 & US 2003/0135871 A1	1-4, 7, 9, 10-1 4, 22, 23, 25, 26
X	US 2002/119542 A1 (Vadim R. Viviani) 2002. 08. 29, Abstract, Fig. 2 (ファミリーなし)	5
Y	VIVIANI VR et. al., "Cloning, sequence analysis, and expression of active Phrixothrix railroad-worms luciferases: relation ship between bioluminescence spectra and primary structures" Biochemistry, 1999, Vol. 38, No. 26, p. 8271-9	1-4, 7, 9, 10-1 4, 22, 23, 25, 2 6
<input checked="" type="checkbox"/> C欄の続きにも文献が列挙されている。 <input type="checkbox"/> パテントファミリーに関する別紙を参照。		
* 引用文献のカテゴリー 「A」 特に関連のある文献ではなく、一般的技術水準を示すもの 「E」 国際出願日前の出願または特許であるが、国際出願日以後に公表されたもの 「L」 優先権主張に疑義を提起する文献又は他の文献の発行日若しくは他の特別な理由を確立するために引用する文献 (理由を付す) 「O」 口頭による開示、使用、展示等に言及する文献 「P」 国際出願日前で、かつ優先権の主張の基礎となる出願日の後に公表された文献 「T」 国際出願日又は優先日後に公表された文献であって出願と矛盾するものではなく、発明の原理又は理論の理解のために引用するもの 「X」 特に関連のある文献であって、当該文献のみで発明の新規性又は進歩性がないと考えられるもの 「Y」 特に関連のある文献であって、当該文献と他の1以上の文献との、当業者にとって自明である組合せによって進歩性がないと考えられるもの 「&」 同一パテントファミリー文献		
国際調査を完了した日 09. 08. 2004	国際調査報告の発送日 24. 8. 2004	
国際調査機関の名称及びあて先 日本国特許庁 (ISA/J P) 郵便番号 100-8915 東京都千代田区霞が関三丁目4番3号	特許庁審査官 (権限のある職員) 田中 晴絵	4 N 9 7 3 9
電話番号 03-3581-1101 内線 3488		

C (続き) . 関連すると認められる文献		
引用文献の カテゴリー*	引用文献名 及び一部の箇所が関連するときは、その関連する箇所の表示	関連する 請求の範囲の番号
Y	近江谷克裕他, "Comparative aspects of a luciferase molecule from the Japanese luminous beetle, Rhagophthalmus ohbai", 横須賀市博研報 (自然) Sci. Rept. Yokosuka City Mus., 2000, No. 4 7, p. 31-38	1-4, 7, 9, 10-14, 22, 23, 25, 26
Y	VIVIANI V. et al., "Thr226 is a key residue for bioluminescence spectra determination in beetle luciferases." Biochem Biophys Res Commun., 2001, Vol. 280, No. 5, p. 1286-91.	1-4, 7, 9, 10-14, 22, 23, 25, 26
Y	SUMIYA M. et al., "Cloning and expression of a luciferase from the Japanese luminous beetle Rhagophthalmus ohbai." Biolumin. Chemilumin., Proc. Int. Symp., 1999, p. 433-436	1-4, 7, 9, 10-14, 22, 23, 25, 26
Y	JP 2002-542791 A (K. R. Leuven Research & Development) 2002. 12. 17, 特許請求の範囲, [0019], [0034] & WO 2000/065076 A2 & EP 1183381 A2	10
Y	GRENTZMANN G, et. al., "A dual-luciferase reporter system for studying recoding signals." RNA, 1998, Vol. 4, No. 4, p. 479-86.	11-14, 22, 23, 25, 26
A	WO 97/24490 A1 (Tropix, Inc.,) 1997. 07. 10 & US 66032657 B1 & EP 874913 A1 & JP 2000-513563 A	8, 11-27
P X	近江谷克裕, 発光甲虫の生物発光機構の基礎と応用—生物発光によって細胞情報を探る—, 生化学, 日本生化学会東京, 2004. 01. 25, Vol. 1. 76, No. 1, p. 5-15	1-27
P A	NIEUWENHUIJSEN BW, "A dual luciferase multiplexed high-throughput screening platform for protein-protein interactions." J Biomol Screen., 2003 Dec, Vol. 8, No. 6, p. 676-84	8, 11-27

第II欄 請求の範囲の一部の調査ができないときの意見 (第1ページの2の続き)

法第8条第3項(PCT17条(2)(a))の規定により、この国際調査報告は次の理由により請求の範囲の一部について作成しなかった。

1. ☐ 請求の範囲 _____ は、この国際調査機関が調査をすることを要しない対象に係るものである。
つまり、
2. ☐ 請求の範囲 _____ は、有意義な国際調査をすることができる程度まで所定の要件を満たしていない国際出願の部分に係るものである。つまり、
3. ☐ 請求の範囲 _____ は、従属請求の範囲であってPCT規則6.4(a)の第2文及び第3文の規定に従って記載されていない。

第III欄 発明の単一性が欠如しているときの意見 (第1ページの3の続き)

次に述べるようにこの国際出願に二以上の発明があるとこの国際調査機関は認めた。

請求の範囲1-27に共通の事項は、「発光波長が測定条件に実質的に依存しない光を発光する発光蛋白」であるが、調査の結果、文献(WO 2003/16839 A2(XENOGEN CORPORATION)2003.02.27)には、哺乳類細胞安定発現化された鉄道虫由来赤色発光タンパク(「発光波長が測定条件に実質的に依存しない光を発光する発光蛋白」に包含されるものである。)が開示されているから、上記共通の事項は新規でないことが明らかとなった。

結果として、上記共通の事項は、先行技術の域をでないから特別な技術的特徴とすることはできない。

それ故、請求の範囲1-27に記載された発明は、「哺乳類細胞安定発現化された鉄道虫由来緑色発光蛋白」に特別な技術的特徴を有するものと、「哺乳類細胞安定発現化されたイリオモテボタル由来緑色発光蛋白」に特別な技術的特徴を有するものと、「哺乳類細胞安定発現化されたイリオモテボタル由来橙色発光蛋白」に特別な技術的特徴を有するものと、「2以上の発光タンパク遺伝子を哺乳類細胞で安定発現すること」に特別な技術的特徴を有するものの4の発明群に分類される。

1. ☐ 出願人が必要な追加調査手数料をすべて期間内に納付したので、この国際調査報告は、すべての調査可能な請求の範囲について作成した。
2. ☒ 追加調査手数料を要求するまでもなく、すべての調査可能な請求の範囲について調査することができたので、追加調査手数料の納付を求めなかった。
3. ☐ 出願人が必要な追加調査手数料を一部のみしか期間内に納付しなかったため、この国際調査報告は、手数料の納付のあった次の請求の範囲のみについて作成した。
4. ☐ 出願人が必要な追加調査手数料を期間内に納付しなかったため、この国際調査報告は、請求の範囲の最初に記載されている発明に係る次の請求の範囲について作成した。

追加調査手数料の異議の申立てに関する注意

- ☐ 追加調査手数料の納付と共に出願人から異議申立てがあった。
☐ 追加調査手数料の納付と共に出願人から異議申立てがなかった。